

**UNIVERSIDAD NACIONAL DE SAN CRISTÓBAL
DE HUAMANGA**

FACULTAD DE CIENCIAS AGRARIAS

ESCUELA PROFESIONAL DE AGRONOMÍA



TESIS:

**Variabilidad fenotípica basado en componentes agromorfológicos
y estandarización de PCR para marcadores InDel en el
germoplasma de *Chenopodium quinoa* Willd, Ayacucho**

Para optar el título profesional de:

INGENIERA AGRÓNOMA

PRESENTADO POR:

Bach. Sayda Francisca CERDA TENORIO

ASESOR:

Ph.D. Germán Fernando DE LA CRUZ LAPA

CO-ASESORA:

M.Sc. Eugenia Rocío QUISPE MEDINA

AYACUCHO – PERÚ

2024

A mi papá Rosendo Cerda Gómez, mi héroe eterno. Aunque no pueda leer estas palabras, sé que su espíritu y amor me acompañan siempre en cada etapa de mi vida.

Sayda F.

AGRADECIMIENTO

A la Universidad Nacional de San Cristóbal de Huamanga, Alma Mater, por ser el pilar de mi formación. A la Facultad de Ciencias Agrarias y a sus docentes, por su dedicación al transmitirme sus valiosos conocimientos para mi desarrollo profesional.

Al Laboratorio de Genética y Biotecnología Vegetal de la Escuela Profesional de Agronomía, Facultad de Ciencias Agrarias de la Universidad Nacional de San Cristóbal de Huamanga, por permitirme trabajar con sus colecciones de quinua.

Al Ph.D. German de la Cruz Lapa, por su asesoría, colaboración, paciencia y tenacidad en la ejecución del presente trabajo de investigación. Asimismo, en la motivación para hacer la redacción de este informe de tesis.

A la M. Sc. Eugenia Rocío Quispe Medina por compartir conocimientos y apoyo incondicional que me brindó para realizar el presente trabajo.

De la misma manera expreso mi agradecimiento al Instituto Nacional de Investigación Agraria (INIA); que a través de su Programa de Semillas de Calidad (PROSEM), se condujo el experimento en sus campos y se financió parte de este trabajo de tesis.

A mis compañeros tesisistas y en especial a la Ing. Susan del Laboratorio de Genética, por ser mi guía dentro del laboratorio.

A mi familia y amigos quienes me han brindado soporte emocional y ayuda en las labores de campo.

ÍNDICE GENERAL

	Pág.
DEDICATORIA	ii
AGRADECIMIENTO	iii
RESUMEN	xii
INTRODUCCIÓN	1
CAPÍTULO I	3
MARCO TEÓRICO	3
1.1. Antecedentes de la investigación	3
1.2. Bases teóricas	5
1.2.1. Origen de la quinua.....	5
1.2.2. Citogenética de la quinua	5
1.2.3. Taxonomía de la quinua	5
1.2.4. Morfología de la quinua	6
1.2.5. Banco de Germoplasma.....	8
1.2.6. Germoplasma.....	8
1.2.7. Accesiones	9
1.2.8. InDel	9
1.2.9. Marcador InDel.....	9
1.2.10. Mecanismos de producción de InDel	10
1.2.11. Reacción en cadena polimerasa (PCR).....	10
1.2.12. Etapas de PCR	11
1.2.13. Electroforesis	11
CAPÍTULO II.....	12
METODOLOGÍA.....	12
2.1. Lugar del experimento.....	12
2.2. Antecedentes del campo experimental	13
2.3. Características fisicoquímicas del suelo.....	13
2.4. Características climáticas del lugar de experimento	13
2.5. Materiales	16
2.5.1. Material biológico	16
2.6. Diseño experimental.....	21
2.6.1. Características del campo experimental	21

2.7. Instalación y manejo agronómico de 144 accesiones del germoplasma de <i>Chenopodium quinoa</i> Willd en condiciones de campo.	23
2.7.1. Preparación del terreno	23
2.7.2. Surcado	23
2.7.3. Estacado y demarcación del terreno	23
2.7.4. Abonamiento	23
2.7.5. Distribución de los tratamientos	24
2.7.6. Siembra.....	24
2.7.7. Riegos	24
2.7.8. Desahije	24
2.7.9. Ronguing	24
2.7.10. Embolsado de panojas	24
2.7.11. Control de malezas	24
2.7.12. Aporque	25
2.7.13. Control fitosanitario.....	25
2.7.14. Cosecha.....	25
2.8. Metodología para la caracterización de la variabilidad de 144 accesiones del germoplasma de <i>Chenopodium quinoa</i> Willd basado en componentes agromorfológicos.....	26
2.8.1. Análisis estadístico	34
2.9. Metodología de estandarización de PCR para marcador INDEL en accesiones del germoplasma de <i>Chenopodium quinoa</i> Willd.	34
2.9.1. Extracción de ADN de <i>Chenopodium quinoa</i> W.	34
2.9.2. Cuantificación de ADN extraído	37
2.9.3. Pre Reacción en cadena polimerasa (PCR)	37
2.9.4. Reacción en cadena de polimerasa (PCR).....	38
CAPÍTULO III.....	40
3. RESULTADOS Y DISCUSIÓN	40
3.1. Análisis de caracteres morfológicos cualitativos	40
3.1.1. Frecuencias de caracteres cualitativos de la planta	40
3.1.2. Análisis global de agrupamiento clúster.....	52
3.1.3. Análisis de componentes principales.....	56
3.1.4. Análisis de correspondencia	59
3.1.5. Análisis de clúster por cada órgano vegetal	59

3.2. Análisis de variables cuantitativos	72
3.2.1. Análisis de varianza de número de los variables cuantitativas.....	72
3.2.2. Comparación de medias de porcentaje de plantas acamadas	72
3.2.3. Comparación de medias del número de ramas primarias	73
3.2.4. Comparación de medias del número de dientes de la hoja.....	75
3.2.5. Comparación de medias de longitud de peciolo.	76
3.2.6. Comparación de medias de la longitud máxima de la hoja	77
3.2.7. Comparación de medias del ancho máximo de la hoja.	78
3.2.8. Correlación de los variables cuantitativas	79
3.3. Análisis de estandarización de perfil térmico PCR para marcador Indel.....	80
3.3.1. Control de calidad de extracción de ADN con los tres protocolos en una muestra de las accesiones de quinua.	80
3.3.2. Estandarización de PCR punto final con gradiente de temperaturas.....	81
CONCLUSIONES	84
RECOMENDACIONES.....	85
REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS	86
ANEXOS	91

ÍNDICE DE TABLAS

	Pág.
Tabla 2.1 Interpretación de resultados del reporte de análisis de suelo de la parcela de Centro Experimental Canaán-INIA.	13
Tabla 2.2 Temperatura máxima, mínima, media, precipitación y balance hídrico en la campaña 2023-2024 en la Estación Meteorológica EEA Canaán-INIA (SENAMHI)-Ayacucho.....	14
Tabla 2.3 Lista de 144 accesiones de <i>Chenopodium quinoa</i> W. del Banco de Germoplasma del Laboratorio de Genética y Biotecnología Vegetal-UNSCH.....	17
Tabla 2.4 Características del campo experimental	22
Tabla 2.5 Master Mix o componentes de amplificación de PCR para 11 reacciones	38
Tabla 2.6 Características de las secuencias nucleotídicas de los primers dirigidos a marcadores InDel (Zhang et al., 2017).....	38
Tabla 2.7 Programa de amplificación para el marcador InDel.....	39
Tabla 3.1 Distribución de frecuencias de descriptores de la planta en 144 accesiones de quinua	40
Tabla 3.2 Distribución de frecuencias de descriptores del tallo de las 144 accesiones de quinua.	42
Tabla 3.3 Distribución de frecuencias de descriptores de ramificación de las 144 accesiones de quinua	44
Tabla 3.4 Distribución de frecuencias de descriptores de hoja de las 144 accesiones de quinua	45
Tabla 3.5 Distribución de frecuencias de descriptores de inflorescencia de las 144 accesiones de quinua	48
Tabla 3.6 Distribución de frecuencias de descriptores de características del grano de las 144 accesiones de quinua	50
Tabla 3.7 Distribución de frecuencias de descriptores de características del grano de las 144 accesiones de quinua.	51
Tabla 3.8 Cuadrados medios del análisis de varianza de las 6 variables cuantitativas evaluadas en quinua.....	72
Tabla 3.9 Comparación de medias (Tukey, 0.05) de porcentaje de plantas acamadas entre las 144 accesiones de quinua.....	73

Tabla 3.10	Comparación de medias (Tukey, 0.05) de número de ramas primarias entre las 144 accesiones de quinua.	74
Tabla 3.11	Comparación de medias (Tukey, 0.05) de número de dientes de la hoja entre las 144 accesiones de quinua.	75
Tabla 3.12	Comparación de medias (Tukey, 0.05) de longitud de peciolo entre las 144 accesiones de quinua	76
Tabla 3.13	Comparación de medias (Tukey, 0.05) de longitud máxima de la hoja entre las 144 accesiones de quinua.	77
Tabla 3.14	Comparación de medias (Tukey, 0.05) de ancho máxima de la hoja entre las 144 accesiones de quinua.	78
Tabla 3.15	Resultados de cantidad (ng/ μ L) y calidad de ADN de quinua (A260/A280) por espectrofotometría.	81

ÍNDICE DE FIGURAS

	Pág.
Figura 2.1 Mapa de ubicación donde se realizó la instalación del banco de germoplasma de <i>C. quinoa</i> W. en la Estación Experimental Agraria Canaán-INIA.....	12
Figura 2.2 Climograma de la campaña diciembre del 2022 a noviembre del 2023 de la Estación Meteorológica EEA Canaán-INIA(SENAMHI)-Ayacucho.	15
Figura 2.3 Esquema de distribución de las 144 accesiones del cultivo de <i>C. quinoa</i> en la parcela de la EEA Caanán-INIA.....	22
Figura 2.4 Representación gráfica de la parcela experimental.	23
Figura 2.5 Habito de crecimiento de <i>Chenopodium quinoa</i> Willd.	26
Figura 2.6 Forma de tallo principal de <i>Chenopodium quinoa</i> Willd.	27
Figura 2.7 Medidas de la hoja de la planta de <i>Chenopodium quinoa</i> Willd.....	29
Figura 2.8 Forma de panoja de la <i>Chenopodium quinoa</i> Willd.....	31
Figura 2.9 Forma de grano de <i>Chenopodium quinoa</i> W.....	34
Figura 3.1 Distribución de frecuencias de densidad de siembra en las 144 accesiones de quinua	40
Figura 3.2 Distribución de frecuencias de forma y color del tallo principal de quinua.	43
Figura 3.3 Distribución de frecuencias de axilas pigmentadas, presencia de estrías y color de estrías de quinua.	43
Figura 3.4 Distribución de frecuencias de presencia de ramificación y posición de ramas primarias de quinua.....	44
Figura 3.5 Distribución de frecuencias de forma, margen y color de peciolo de quinua	46
Figura 3.6 Distribución de frecuencias de color de lámina foliar y color de gránulos en hojas de quinua	46
Figura 3.7 Distribución de frecuencias de color de la panoja a la floración de las 144 accesiones de quinua	49
Figura 3.8 Distribución de frecuencias de grado de dehiscencia de las 144 accesiones de quinua	51
Figura 3.9 Distribución de frecuencias de forma de grano de las 144 accesiones de quinua	52

Figura 3.10 Índice de Hubert para determinación de número óptimo de agrupamiento clúster	53
Figura 3.11 Clúster jerárquico de las 144 accesiones de quinua (<i>Chenopodium quinoa</i> W.) construido a partir de los datos cualitativos y cuantitativos (35 descriptores).....	55
Figura 3.12. Contribución a la variabilidad morfológica de los componentes principales o descriptores morfológicos de <i>Chenopodium quinoa</i> Willd	57
Figura 3.13 Contribución a la variabilidad morfológica y correlación indirecta de los componentes principales o descriptores morfológicos de <i>Chenopodium quinoa</i> Willd	58
Figura 3.14 Análisis de correspondencia de las 144 accesiones de quinua, de acuerdo a sus características morfológicas <i>Chenopodium quinoa</i> Willd	59
Figura 3.15 Clúster de agrupamiento en función de los caracteres morfológicos del tallo de la planta de quinua.	61
Figura 3.16 Clúster de agrupamiento en función de los caracteres morfológicos de la ramificación de la planta de quinua.	63
Figura 3.17 Clúster de agrupamiento en función de los caracteres morfológicos de la hoja de la planta de quinua	65
Figura 3.18 Clúster de agrupamiento en función de los caracteres morfológicos de la inflorescencia de la planta de quinua.....	67
Figura 3.19. Clúster de agrupamiento en función de los caracteres morfológicos del grano de las accesiones de quinua	69
Figura 3.20 Clúster de agrupamiento en función de los caracteres morfológicos de la planta de quinua.....	71
Figura 3.21. Coeficiente de correlación de las variables cuantitativas de quinua	80
Figura 3.22 Fotodocumentación de la integridad del ADN mediante electroforesis en gel de agarosa al 2 % a 90 V.	81
Figura 3.23 Fotodocumentación de la amplificación de PCR para el primer JAAS 14 en 10 accesiones de quinua (167, 216, 285, 46, 129, 144, 225, 228, 287 y Silvestre) en gel de agarosa al 3% durante 60 min a 100 V. -C: control... 82	
Figura 3.24 Fotodocumentación de la amplificación de PCR para el primer JAAS 67 en 10 accesiones de quinua (167, 216, 285, 46, 129, 144, 225, 228, 287 y Silvestre) en gel de agarosa al 3% durante 60 min a 100 V. -C: control... 82	

ÍNDICE DE ANEXOS

	Pág.
Anexo 1. Índice del método de silueta para determinación de número adecuado de agrupamiento clústeres.....	92
Anexo 2. Anova del ancho máximo de la hoja	95
Anexo 3. Anova de la longitud máxima de la hoja.....	95
Anexo 4. Anova de numero de dientes por hoja.....	95
Anexo 5. Anova de la longitud del peciolo.....	95
Anexo 6. Anova de número de plantas acamadas.....	96
Anexo 7. Anova del número de ramas primarias.....	96
Anexo 8. Matriz de datos cuantitativos y cualitativos de caracterización de las 144 accesiones de quinua	97
Anexo 9. Panel fotográfico	101

RESUMEN

La razón de ejecución de este trabajo de investigación en el cultivo de quinua (*Chenopodium quinoa* Willd.) es su alto valor proteico, resistencia a la sequía y al frío, lo que lo convierten en una nueva alternativa para la seguridad alimentaria en escenarios de situaciones climáticas cambiantes. Los objetivos fueron describir la variabilidad fenotípica cualitativa de 144 accesiones del germoplasma y estandarizar PCR para marcador InDel en una muestra de 10 accesiones. El experimento se llevó a cabo en la Estación Experimental Agraria Canaán-INIA entre diciembre 2023- agosto 2024, utilizando semillas proporcionadas por el Banco de Germoplasma del Laboratorio de Genética y Biotecnología Vegetal-FCA. La caracterización se realizó utilizando descriptores de quinua y parientes silvestres de Bioversity Internacional, evaluándose 29 componentes cualitativos y 6 componentes cuantitativos. La recopilación de los datos fue procesado y analizado mediante agrupamiento jerárquico de clúster, análisis de correspondencia, componentes principales y para las características cuantitativas se realizó el análisis de varianza (ANVA). Se formaron 7 grupos en función a sus características cualitativas y cuantitativas de las 144 accesiones de quinua con un coeficiente de similitud al 18%. Los componentes que atribuyeron con un 43.4 % de la variabilidad fueron ancho máximo hoja(C19) y el componente con menor atribución fue la forma del tallo principal(C4). El protocolo estandarizado de PCR para los primers JAAS14 y JAAS67 incluyó: desnaturalización inicial a 95 °C por 3 minutos, seguida de 38 ciclos de desnaturalización a 95 °C por 40 segundos, alineamiento a una temperatura de hibridación entre 58 °C y 61,4 °C por 40 segundos, y extensión a 72 °C por 40 segundos. Se finalizó con una extensión de 5 minutos a 72 °C. El primer JAAS14 mostró una amplificación más eficiente y específica que JAAS67.

Palabras clave: quinua, variabilidad fenotípica, accesiones, PCR y InDel.

INTRODUCCIÓN

La quinua es considerada una especie con potencial agronómico en la región andina. En los dos últimos años, la producción nacional de quinua llegó a 113 355 toneladas. Ayacucho, desataca como la segunda región productora de quinua más importante del país, incrementando su participación en la producción nacional del 9,5 % al 21,0 % en las últimas décadas Ministerio de Desarrollo Agrario y Riego (MIDAGRI, 2023)

La quinua es una especie domesticada y cultivada en condiciones adversas de clima y suelo por miles de años, ha ido evolucionando en ambientes pobres; en determinados espacios tienden a desarrollar mecanismos para maximizar su utilización; en términos de evolución, sus genes prevalecen en el tiempo (Ccoyllar et al., 2021).

Además de su valor proteico, resistencia a la sequía y al frío, la convierten en una nueva alternativa para la seguridad alimentaria mundial y una herramienta para enfrentar situaciones climáticas cambiantes (Bazile y Fagandini, 2015). En términos económicos, la quinua se ha convertido en un componente clave para la exportación a través de las voces de la población andina, la conexión sociológica y el uso alimentario de este producto (Vargas et al., 2019)

Para la caracterización de componentes agromorfológicos cualitativos se recopila información de la identidad de las accesiones, así como para identificar duplicados, medir la variabilidad de lo que se está guardando; usando los descriptores para iniciar un programa de mejoramiento genético, establecimiento y purificación de los bancos de germoplasma en nuestra región (Becerra y Paredes, 2000)

Es importante realizar estudios de variabilidad en un banco de germoplasma; que permitan identificar líneas promisorias sobresalientes en atributos de interés como el

rendimiento, índice de cosecha, calidad de grano, resistencia a enfermedades, tolerancia a sequía y salinidad, entre otras características relevantes. Asimismo, resulta importante el conocimiento del sistema reproductivo dada la amplia variación en inflorescencias, tipos florales, tipo de ramificación, número de ramas, longitud y ancho de las hojas. (Bhargava et al., 2007) (Fuentes et al., 2009)

La información sobre estas características, junto con los datos de pasaporte constituye la data esencial para cada una de las accesiones, permitiendo la creación de bases de datos regionales, nacionales e internacionales (Rojas et al., 2014)

Fernandes (2009) menciona que “la selección asistida por marcadores moleculares es una herramienta que tiene grandes ventajas dentro de los programas de mejoramiento” (pág.9)

El uso de marcadores InDel pueden ayudar a la selección eficiente de accesiones mutantes acelerando así el proceso de mejoramiento de la quinua; para así llevar a cabo programas de mejoramiento genético. Los objetivos de este trabajo de investigación fueron:

Objetivo general

Describir la variabilidad fenotípica del germoplasma de *Chenopodium quinoa* Willd de componentes agromofológicos y estandarizar PCR para la obtención de bandas del marcador InDel, Ayacucho 2023.

Objetivos específicos

1. Describir la variabilidad fenotípica de 144 accesiones del germoplasma de *Chenopodium quinoa* Willd de componentes agromofológicos, Ayacucho 2023.
2. Estandarizar PCR para marcador INDEL en una muestra de las accesiones del germoplasma de *Chenopodium quinoa* Willd. Ayacucho, 2023

CAPÍTULO I

MARCO TEÓRICO

1.1. Antecedentes de la investigación

Vergara et al.(2020) realizaron un estudio sobre las características agronómicas y morfológicas de la quinua cultivada en la región de Rio Grande do Sul, tuvo como objetivo describir características morfológicas que permitan diferenciar cultivares y evaluar características agronómicas que puedan determinar el rendimiento de *Chenopodium quinoa*; reportando que “es posible utilizar marcadores genéticos morfológicos con las conformaciones de los dientes, lóbulos de la hoja y el color, en cambio la longitud de los peciolo no son buenos marcadores morfológicos debido a la baja variabilidad genética ”(p.18).

En un estudio realizado por Rojas (2021) que tuvo como objetivos evaluar la diversidad morfológica, fisiológica y de calidad de 402 accesiones de quinua del Banco de Germoplasma de la UNALM, en donde utilizaron 15 variables cualitativas y 6 cuantitativas de los descriptores de Quinua y parientes silvestres de Bioversity Internacional en donde se “formaron 3 grupos en el análisis de conglomerados, presentando un 70.3 % de variabilidad, para lo cual en componente que contribuyeron más fueron número de dientes, tolerancia al mildiu, color de estrías entre otros”(pág.79).

León (2020) hizo una investigación que se llevó a cabo en el INIA-Santa Ana - Huancayo; considerándose los siguientes objetivos de caracterizar morfológicamente las accesiones de quinua, evaluar los componentes de rendimiento y determinar cuál de ellos influye en el rendimiento total. Los tratamientos se dispusieron bajo el diseño experimental de DBCR. Se caracterizó morfológicamente donde en las características cualitativas en donde “se conformó once grupos para tallo y ramificación, seis grupos para hoja, once grupos para inflorescencia y diez grupos para grano. En las características cuantitativas se evaluó el número de dientes en la hoja, longitud del peciolo, longitud y

ancho de la hoja, número de ramas primarias y el diámetro del tallo principal; conformándose 22 grupos” (p.148).

Zhang et al. (2017) publicaron un estudio en el que los objetivos fueron caracterizar las variaciones de SNP e InDel en el genoma de la quinua a través de la resecuenciación, desarrollar nuevos marcadores InDel dimórficos en todo el genoma; analizar la estructura de la población, la diversidad genética entre las accesiones de quinua y seleccionar un conjunto básico de quinua que sea representativo de las principales áreas de siembra. Se usaron 147 marcadores para el genotipado, que incluyeron 85 InDels dimórficos validados y desarrollados, 14 SSR genómicos seleccionados, 48 SSR derivados de bibliotecas de etiquetas de secuencia expresada (EST) (EST-SSR). Resultando que “la mayoría de las variaciones se encontraron a través de un análisis de variación molecular (AMOVA) debido a la diversidad entre los grupos, lo que demuestra una diferenciación genética significativa entre el tipo de quinua del altiplano andino y el tipo de la costa chilena. Concluyendo que el gran número de SNP e InDel identificados en el genoma de la quinua está enriquecido con variaciones genómicas. La estructura genética de la población, los núcleos genéticos de germoplasma y los marcadores InDel dimórficos son recursos útiles para el análisis genético y el mejoramiento de la quina” (p. 13).

Emrani et al. (2020) realizaron selección desarrollando protocolos para la producción de semillas de línea F1 en *Chenopodium quinoa* W., asistida por marcadores InDel con los primers(JAAS1, JAAS 4, JAAS5, JAAS7, JAAS18 Y JAAS28 en donde determinaron que “la selección utilizando marcadores InDel es una técnica rápida, barata y confiable, puesto que los fragmentos de PCR se pueden visualizar fácilmente en un gel de agarosa”(p. 9).

En remolacha las inserciones y deleciones son las segundas variaciones genéticas más abundantes después del polimorfismo de un solo nucleótido en todos los genomas, las longitudes de las inserciones y deleciones fueron diversas, el número de inserciones y deleciones disminuyó con el aumento de sus longitudes (Liu et al., 2019). Por lo tanto, se espera que estos marcadores puedan estar presentes debido a la hibridación interespecífica natural o artificial que ocurre en los taxones de *Amaranthus*.

Los marcadores indel pueden utilizarse para distinguir especies.

1.2. Bases teóricas

1.2.1. Origen de la quinua

La quinua (*Chenopodium quinoa* Willd.) es una especie originaria de los andes Sudamericanos, específicamente bolivianos y peruanos. La mayor variabilidad de genotipos se encuentran entorno al Lago Titicaca entre Perú y Bolivia, permitiendo así que se cultive en diferentes agroecosistemas haciendo frente a las condiciones ambientales adversas de frío, sales y sequías (Campos et al., 2022) (Bonifacio, 2003) como se citó en (García et al., 2015).

La quinua es una especie anual dicotiledónea, pertenece a la familia Amaranthaceae. La quinua, junto con sus parientes silvestres (*Chenopodium carnosolum*, *C. petiolare*, *C. pallidicaule*, *C. hircinum*, *C. quinoa* subsp. *melanospermum* y *C. ambrosoides incisum*), tiene alta diversidad y variabilidad de usos (Fuentes et al., 2009)

1.2.2. Citogenética de la quinua

Según GISCH (Genomic In Situ Hybridization), la quinua es una especie polisomática, alotetraploide y presenta taxones parentales diploides ($2n = 4x = 36$) en mayor proporción metacéntricos y submetacéntricos.

Kolano et al. (2012) determinaron que el genoma más grande se encuentra en Chile (media 3.077 pg/2C) y el más pequeño en la población peruana (media 2.905 pg/2C). En tanto a tamaño presenta un genoma bastante pequeño (2.973 pg/ ADN 2C)

1.2.3. Taxonomía de la quinua

De acuerdo al (Sistema Integrado de Información Taxonómica (ITIS), 2024) se clasificó a las Chenopodiaceas como subfamilia de la familia Amaranthaceae en base a datos moleculares.

Reino	: Plantae
División	: Tracheophyta
Clase	: Magnoliopsida
Orden	: Caryophyllales
Familia	: Amaranthaceae

Subfamilia : Chenopodioideae
Género : Chenopodium L.
Especie : *Chenopodium quinoa* Willdenow (ITIS, 2024)

1.2.4. Morfología de la quinua

Es una planta dicotiledónea, polígama-monoica, herbácea, anual y erecta; su morfología, coloración y fenología depende de las zonas agroecológicas donde se cultiva y variedad; mencionando así que tiene una alta plasticidad para adaptarse a diferentes condiciones (Apaza et al., 2013; Infante R. et al., 2018)

Las principales características agromorfológicas se detallan a continuación (Gómez y Aguilar, 2016):

a) Raíz

Presenta raíz pivotante de la cual sale una raíz principal de la cual salen un gran número de raíces laterales muy ramificadas. La longitud de las raíces es variable, de 0.8 a 1.5 m. Su desarrollo y crecimiento está determinado por el genotipo, tipo de suelos, nutrición y humedad entre otros factores.

b) Tallo

Es cilíndrico en el cuello de la planta y angulosos a partir de las ramificaciones, de coloración variable desde el verde al rojo, muchas veces presenta estrías y también axilas pigmentadas de color, verde rojo o púrpura.

La corteza es firme y compacta formada por tejidos fuertes y lignificados. Cuando los tallos son jóvenes medula es suave, cuando los tallos llegan a la madurez se tornan esponjosas y secas.

Según al hábito de ramificación el tallo puede ser de habito sencillo con un solo tallo y una inflorescencia terminal definida o habito ramificado variantes:

- a. Las ramas laterales tienen casi la misma longitud que el tallo principal y todas terminan en panojas.
- b. El tallo principal tiene mayor longitud que los tallos secundarios dando a la planta forma cónica en la base.

c) Hojas

Presentan partes diferenciadas entre peciolo y lamina foliar. El peciolo de las hojas es largo y acanalado, la longitud depende de su origen; son más largos los peciolos que se originan directamente del tallo y más cortos si se originan de las ramas. Su color puede ser verde, rosado, rojo y purpura.

La lámina es más grande en el follaje y más pequeña en la inflorescencia; son polimórficas en la misma planta. Su forma puede ser triangulares o romboidales y las de la inflorescencia pueden ser triangulares o lanceoladas. El margen puede ser entero, dentado o aserrados.

El número de dientes varia de 3 a 20. Las partes tiernas de la planta y hojas están generalmente cubiertas con una pubescencia vesicular granular blanca, rosada o purpura; esta contiene oxalato de calcio capaz de absorber agua del medio e incrementar la humedad relativa de la atmosfera.

d) Inflorescencia

Presenta inflorescencias compactas llamadas panículas con una longitud de 15 – 70 cm. Se encuentra en el ápice de la planta y en el de las ramas. Tiene un eje principal, secundarios y terciarios. Por la forma y posición de los glomérulos se clasifican en amarantiforme, glomerulada e intermedia.

e) Flor

Las flores son sésiles y agrupadas en glomérulos. La posición del glomérulo en la inflorescencia y la posición de las flores dentro del glomérulo, establecen el tamaño y número de los granos o fruto que determinado así el rendimiento. Presenta flores hermafroditas y pistiladas.

f) Fruto

Es un aquenio de forma lenticular, elipsoidal, cónico o esferoidal, cubierto por perigonio sepaloide. Esta constituido del pericarpio el cual esta adherido a la capa de la semilla, tiene alveolos en su superficie. Puede alcanzar un diámetro de 1.5 a 3 mm.

g) Semilla

Presenta tres partes delimitadas; episperma, embrión y perisperma. La episperma es la capa que cubre la semilla y esta adherida al pericarpio. El embrión está conformado por dos cotiledones y la radícula. El perisperma reemplaza al endospermo, constituido mayormente por granos de almidón de color blanquecino.

Los cultivos que almacenan carbohidratos en el perispermo se denominan pseudocereales, a diferencia de los verdaderos cereales, donde los carbohidratos se almacenan en el endospermo y ambos son fuentes de energía en la dieta humana (Pickersgill, 2007).

1.2.5. Banco de Germoplasma

Martínez (2019) menciona que los bancos de germoplasma son lugares para almacenar materiales biológicos, para la conservación de la biodiversidad a largo plazo; es decir, material vegetal reproducible, que trascienda en el tiempo y que sobreviva a acontecimientos destructivos para así explotar todas las variaciones genéticas presentes en ellas.

1.2.6. Germoplasma

En opinión de (Bacchetta et al., 2008a) el germoplasma puede ser definido como cualquier material capaz de transmitir los caracteres hereditarios de una generación a otra y ellos refieren que

“El germoplasma representa la base física de la transmisión genética, o bien la suma de los genes y de los factores citoplasmáticos que rigen la herencia. Al hablar de germoplasma vegetal, puede aludirse a distintas estructuras vegetales (esporas, tejidos o partes de plantas), incluyendo sus células y compuestos con información genética (ADN, ARN, etc.) y, de especial modo, las semillas”. (p.19)

Éstas constituyen la estructura más representativa y evolucionada de las plantas superiores para su perpetuación, siendo además el agente de dispersión más frecuente, eficaz y con mayor capacidad de regenerar una planta vascular completa a largo plazo.

1.2.7. Acciones

Se denomina *accesión* o en otros términos *entradas* o *muestras*; son muestras de material recolectado e introducido en los bancos de germoplasma para su conservación, cada una representa la entrada en el banco de un lote de germoplasma relativo a una única recolección para una unidad taxonómica determinada y una población biológica definida, identificada así de modo correcto (Bacchetta et al., 2008b).

1.2.8. InDel

Innovate Genomics Institute (IGEI) (2024) lo conceptualiza como la eliminación o inserción aleatoria de nucleótidos de diferentes tamaños de una secuencia de ADN. Los *indeles* ocurren cuando la célula rompe el ADN y lo repara desordenadamente en un proceso llamado *unión de extremos no homólogos* Non-Homologous End Joining (NHEJ). En algunos casos esto puede ser suficiente para detener el funcionamiento de un gen.

Tal como señala, Yang et al. (2016) *InDel* es un fenómeno en el que la alineación de secuencias homólogas crea espacios, pero en la mayoría de los casos no se puede conocer la secuencia ancestral. Se denomina *InDel* puesto que es difícil determinar que secuencia ha sufrido una mutación de inserción o *delección* en el sitio de la brecha.

Brookes (1999) menciona que los puntos pueden ser *sustituciones* o *inserciones/eliminaciones* de bases (*indeles*). Las *sustituciones* pueden ser de dos tipos: las que implican intercambios de bases. de la misma naturaleza química, es decir, entre dos purinas (A/G o G/A) o dos pirimidinas (C/T o T/C) y se llaman *transiciones* o *transversiones* que son *sustituciones* que resultan en una incorporación base de una base química distinta, es decir, una purina por una pirimidina o viceversa. Estos cambios a veces se originan por errores en incorporación de bases durante la replicación del ADN.

1.2.9. Marcador InDel

Li et al. (2014) mencionan que esencialmente son *marcadores genéticos* *polimórficos* de longitud y se puede tipificar basándose en la tecnología de *amplificación* por PCR.

1.2.10. Mecanismos de producción de InDel

Yang et al. (2016) afirma que la producción de InDel está relacionada principalmente con las características del genoma y los errores en la replicación del ADN. Cuando el punto de mutación contiene la secuencia GTAAGT o el contenido de purina y pirimidina en ambas hebras del ADN está desbalanceado, la probabilidad de eliminación aumentará. Cuando la secuencia contiene AT(A/C) (AC)GCC y TACCR aumentarán la probabilidad de inserción. Mientras que las secuencias TATCGC y GCGG son puntos con menor probabilidad (cold spot) para la eliminación e inserción respectivamente. Además de los mecanismos de producción mencionados anteriormente, existen varios factores, como la duplicación e inserción de transposones, la inserción de elementos móviles, la recombinación anormal de secuencias y el intercambio desigual de copias repetidas similares (Britten et al, 2003) como se citó en (Yang et al., 2016)

Las variaciones de Indel están relacionadas con diferencias fenotípicas y enfermedades de individuos (Hai et al., 2018)

1.2.11. Reacción en cadena polimerasa (PCR)

Es una técnica in vitro de la biología molecular, que implica una reacción catalizada por enzimas que tienen la función de amplificar a partir de una secuencia específica de ADN en cien mil millones de copias y en muchos ciclos repetitivos en pocas horas utilizando gradientes de temperatura (Templeton, 1992)

Este proceso se lleva a cabo en un tubo de ensayo simulando la replicación celular y para ello este tubo debe contener el molde de ADN de la secuencia a amplificar, taq polimerasa que une los nucleótidos individuales al sintetizar una nueva copia de este, los iniciadores o primers (secuencias sintéticas de nucleótidos que bordean la zona delimitada), dextrirribonucleótidos trifosfatos (dNTPs); Cl_2Mg , que activa la taq polimerasa aumentando la eficiencia y precisión de la amplificación; un tampón de reacción para la polimerasa (Buffer) que mantiene las condiciones óptimas para la enzima; y agua ultrapura. Todo el proceso se lleva a cabo en un equipo llamado termociclador (Villegas et al., 2009) (Ramírez et al., 2014)

1.2.12. Etapas de PCR

Como lo describe Rodríguez y Barrera (2004) consta de varios ciclos que van desde los treinta ciclos que constan de tres etapas:

a) Desnaturalización

En esta etapa con la cual inicia el PCR las dos hebras de la molécula de ADN se separan a consecuencia de la ruptura de los puentes de hidrogeno que generalmente se lleva a cabo a una temperatura que oscila entre 94 a 98 °C, por minuto; ocasionado la exposición las bases nitrogenadas (C, T, G y A), quedando como molde para la síntesis de la nueva cadena complementaria.

b) Alineamiento o anillamiento

Aquí se hibridan las cadenas que se han separado del ADN diana con los iniciadores o cebadores, a una temperatura que oscila entre 50 a 60 °C la cual depende de la temperatura de fusión o melting (T_m) de los primers.

c) Extensión

Finalmente, el ADN polimerasa sintetiza las nuevas hebras que van a complementar las cadenas originales que van de 5' a 3' con los nucleótidos libres en el orden que va dictando la secuencia de cadena molde, se lleva a cabo a 72 °C.

1.2.13. Electroforesis

Tal como menciona Fierro (2014), la electroforesis es un método empleado para separar fragmentos de ADN en función a su tamaño y visualizarlos mediante tinción. El ADN se encuentra cargado negativamente debido a los grupos fosfato y cuando está en un campo eléctrico. Puede realizarse en un gel de agarosa o poliacrilamida, a una determinada concentración, dependiendo de los objetivos. La electroforesis en gel de agarosa es útil para separar y purificar fragmentos de ADN cuando no requerimos un alto poder de resolución. En cambio, la electroforesis en geles de poliacrilamida, aunque tiene una mayor limitación en cuanto al tamaño de los fragmentos que podemos separar (5-600 pb), posee un poder de resolución mucho mayor, permitiendo la separación de moléculas que difieren en un sólo par de bases.

CAPÍTULO II

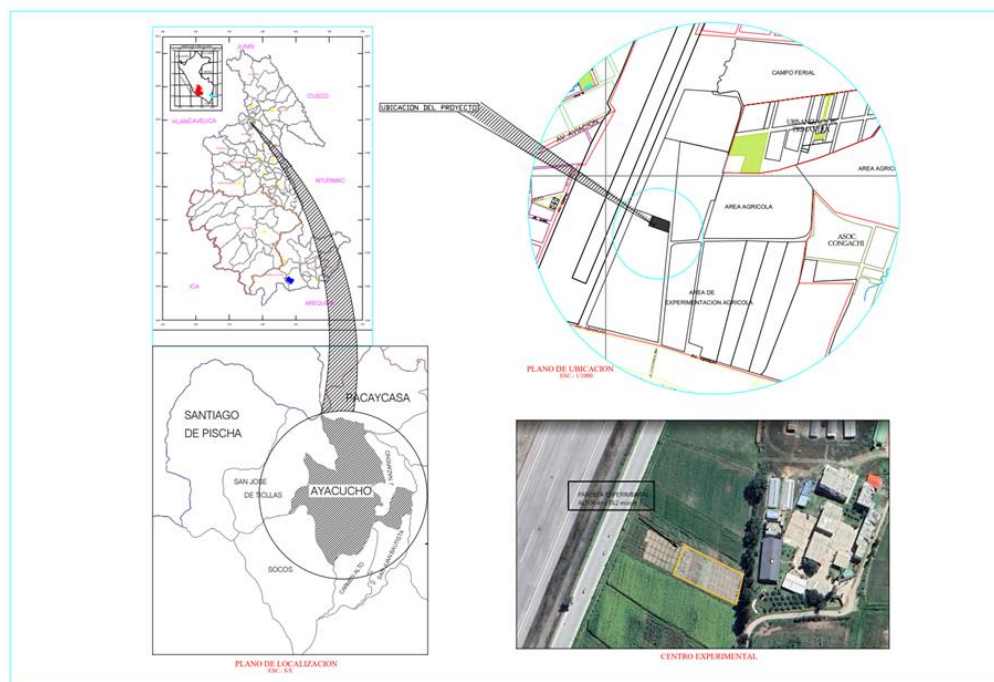
METODOLOGÍA

2.1. Lugar del experimento

Para la etapa de evaluación fenotípica, se realizó en las parcelas experimentales del Instituto Nacional de Innovación Agraria – INIA-Canaán-Ayacucho a 2735 msnm ($13^{\circ} 10' 02''$ S y $74^{\circ} 12' 26''$ O). Provincia de Huamanga, Distrito de Andrés Avelino Cáceres Dorregaray. La etapa de estandarización de (PCR) se llevó a cabo en el Laboratorio de Genética y Biotecnología Vegetal (LGBV) de la Escuela Profesional de Agronomía de la Universidad Nacional San Cristóbal de Huamanga el distrito de Ayacucho, provincia de Huamanga, departamento de Ayacucho, ubicado entre las coordenadas de ($74^{\circ}13'16''$ O y $13^{\circ}08'40''$ S).

Figura 2.1

*Mapa de ubicación donde se realizó la instalación del banco de germoplasma de *C. quinoa* W. en la Estación Experimental Agraria Canaán-INIA*



2.2. Antecedentes del campo experimental

En la parcela destinada para la instalación del experimento se cultivó papa en la campaña agrícola 2022-2023 del Centro Experimental de Canaán -INIA- Ayacucho.

2.3. Características físicoquímicas del suelo

En base a los reportes de análisis de suelo, ofrece buen nivel de nutrientes para el cultivo, se tiene un pH de 7.7(ligeramente alcalino), una CE de dS/m (conductividad alta), $\text{CaCO}_3 = 3.5\%$ (muy bajo), MO = 1.66% (pobre), N total en nivel pobre (0.08%), P disponible = 25.2 ppm (nivel medio) y K disponible = 683.7 ppm (nivel muy alto). Con una clase textural franca.

Tabla 2.1

Interpretación de resultados del reporte de análisis de suelo de la parcela de Centro Experimental Canaán-INIA

	Unidad	Cantidad	Método	Interpretación
pH	pH	7.7		Ligeramente alcalino
CE	mS/m	14.9		Conductividad Alta
Mat. Orgánica	%	1.66	Walkley y Black	Medianamente pobre
Nitrógeno	%	0.08	Procedimiento de digestado	Medianamente pobre
Fosforo	ppm	25.2	Olsten y colaboradores	Medio
Potasio	ppm	683.7	Acetato de amonio	Muy alto
Carbonatos	%	3.5	Neutralización ácida	Muy bajo
CIC	meq/100g	15.74	Acetato de amonio	Media
Análisis Textural				
Arena		48.56	Procedimiento de Bouyoucos	Franco
Limo	%	30		
Arcilla	%	21.44		
Cationes Intercambiables				
Calcio (Ca+2)	meq/100 g	13.24	Solución extractora de Mehlich	Alto
Magnesio (Mg+2)	meq/100 g	1.45		Medio
Potasio(K+1)	meq/100 g	0.96		Alto
Sodio (+1)	meq/100 g	0.09		Bajo

Fuente: Informe de ensayo - N° 02004-22/SU/CANAÁN

2.4. Características climáticas del lugar de experimento

Las condiciones climáticas durante el periodo de desarrollo del trabajo (diciembre 2023- agosto 2024), se presentan en la tabla 2.2 y gráficamente en la Figura 2.2, en donde la temperatura promedio fue 17.7 °C, alcanzo temperaturas medias mínimas de 9.9 °C y medias máximas de 24.8 °C. La precipitación anual fue de 475.27 mm por año. En el balance hídrico, se muestran condiciones húmedas los meses de diciembre 2023 a marzo 2024 y un déficit de humedad de abril 2024 a noviembre 2024.

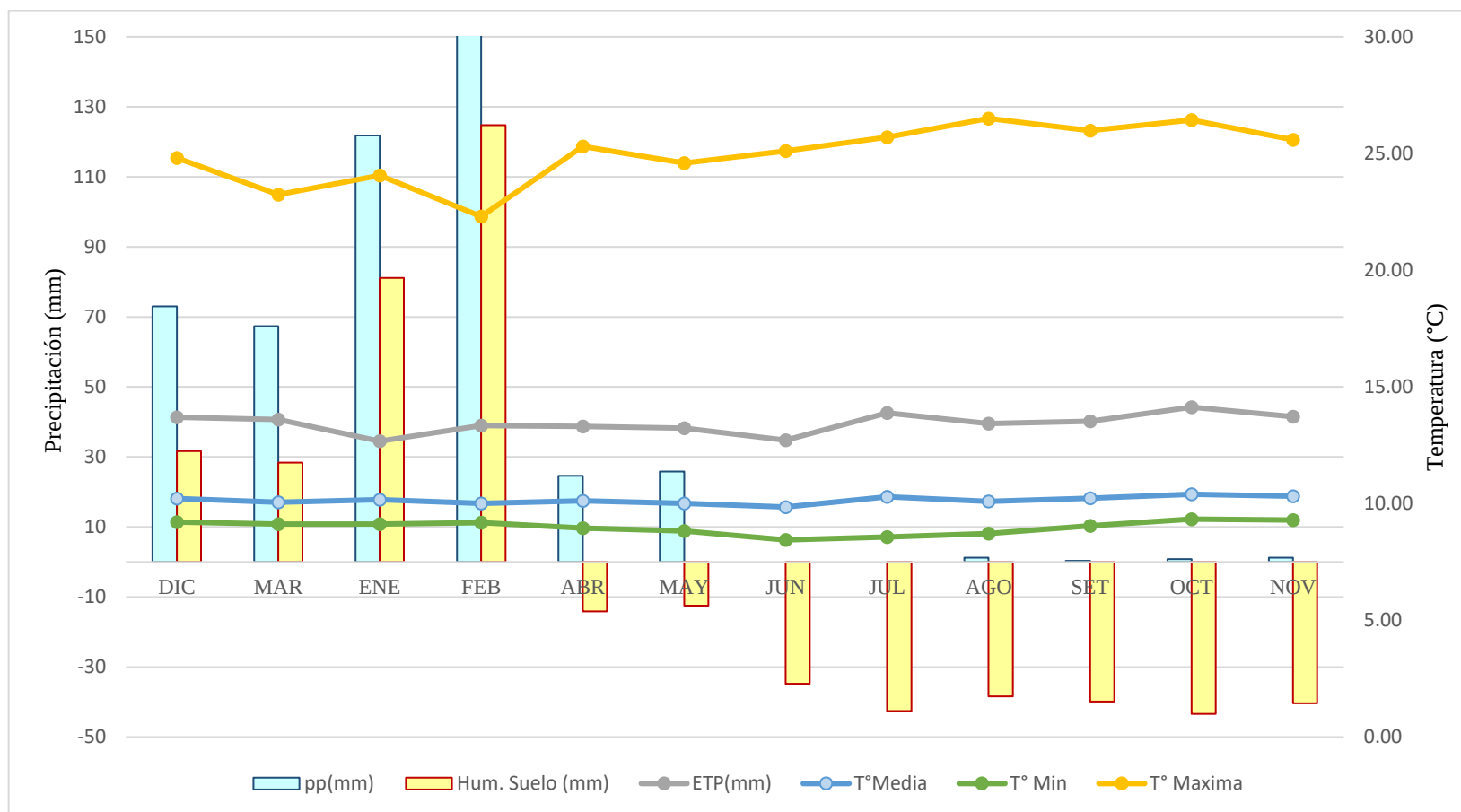
Tabla 2.2

Temperatura máxima, mínima, media, precipitación y balance hídrico en la campaña 2023-2024 en la Estación Meteorológica EEA Canaán-INIA (SENAMHI)-Ayacucho

ESTACION:	INIA CANAAN	DISTRITO : Andrés Avelino Cáceres							LATITUD : 13° 10' 0.06" S						
		PROVINCIA : Huamanga							LONGITUD : 74° 12' 22.92" W						
		REGION : Ayacucho							ALTITUD : 2735 msnm						
		Balance hídrico: 2022-2023													
DESCRIPCION	UNID	DIC	ENE	FEB	MAR	ABR	MAY	JUN	JUL	AGO	SET	OCT	NOV	TOTAL	PROM
T° máx. Med Mensual	°C	24.81	24.06	22.30	23.23	25.30	24.59	25.10	25.70	26..5	25.97	26.43	25.59		24.83
T° min Med Mensual	°C	11.37	10.86	11.20	10.83	9.70	8.85	6.30	7.10	8.10	10.37	12.24	11.94		9.90
T° media mensual	°C	18.09	17.80	16.70	17.03	17.50	16.72	15.70	18.60	17.30	18.17	19.33	18.76		17.64
Factor de multiplicación		4.96	4.96	4.48	4.96	4.80	4.96	4.8	4.96	4.96	4.8	4.96	4.80		
ETP		89.7	88.29	74.82	84.46	84.00	82.93	75.36	92.26	85.81	87.22	95.90	90.06	1030.81	
Precipitación	mm	73.00	121.80	159.20	67.30	24.60	25.80	0.00	0.00	1.2	0.33	0.84	1.20	475.27	
ETP Ajust.	mm	41.36	40.71	34.49	38.94	38.73	38.24	34.75	42.54	39.56	40.21	44.21	41.53		
Humedad del suelo	mm	31.64	81.09	124.71	28.36	-14.13	-12.44	-34.75	-42.54	-38.36	-39.9	-43.38	-40.33		
Exceso	mm	31.64	81.09	124.71	28.36										
Déficit	mm					-14.13	-12.44	-34.75	-42.54	-38.36	-39.9	-43.38	-40.33		
Fc	0.461063														

Figura 2.2

Climograma de la campaña diciembre del 2022 a noviembre del 2023 de la Estación Meteorológica EEA Canaán-INIA(SENAMHI)-Ayacucho.



Fuente: Elaboración propia

2.5. Materiales

2.5.1. Material biológico

Se evaluaron 143 accesiones de *Chenopodium quinoa* W. además de una accesión de quinua silvestre *Chenopodium spp.* (control) haciendo un total de 144 accesiones conservadas y proporcionadas por el Banco de Germoplasma del Laboratorio de Genética y Biotecnología Vegetal-UNSCH, las cuales fueron recolectados de las diferentes provincias de Ayacucho, Cusco, Apurímac y Huancayo.

Tabla 2.3

Lista de 144 accesiones de Chenopodium quinoa W. del Banco de Germoplasma del Laboratorio de Genética y Biotecnología Vegetal-UNSCH

N°	Trat	CODIGO	Fecha de colección	País	Departamento	Provincia	Distrito	Localidad	Altitud (msnm)
1	T1	UNSCHLGBVCHQ60405-1-2013	2013	Perú	Ayacucho	Sucre	Chalcos	Ayalca	3649
2	T2	UNSCHLGBVCHQ60405-6-2013	2013	Perú	Ayacucho	Sucre	Chalcos	Chalcos	3649
3	T3	UNSCHLGBVCHQ60405-7-2013	2013	Perú	Ayacucho	Sucre	Chilcayocc	Chilcayocc	3410
4	T4	UNSCHLGBVCHQ60405-9-2013	2013	Perú	Ayacucho	Sucre	Huamanga	Huamanga	2700
5	T5	UNSCHLGBVCHQ60405-10-2013	2013	Perú	Ayacucho	Huamanga	Huamanga	Huamanga	2700
6	T6	UNSCHLGBVCHQ60405-14-2013	2013	Perú	Ayacucho	Huamanga	Chontaca	Chontaca	2761
7	T7	UNSCHLGBVCHQ60405-293-2022	2022	Perú	Ayacucho	Lucanas	Chaviña	Chaviña	3210
8	T8	UNSCHLGBVCHQ60405-294-2022	2022	Perú	Ayacucho	Lucanas	Chaviña	Chaviña	3210
9	T9	UNSCHLGBVCHQ60405-295-2022	2022	Perú	Ayacucho	Lucanas	Chaviña	Chaviña	3210
10	T10	UNSCHLGBVCHQ60405-296-2023	2013	Perú	Ayacucho	Lucanas	Chaviña	Chaviña	3210
11	T11	UNSCHLGBVCHQ60405-24-2013	2013	Perú	Ayacucho	Huamanga	Huamanga	Acocro	2761
12	T12	UNSCHLGBVCHQ60405-25-2013	2013	Perú	Junín	Huancayo	Huancayo	Huancayo	3271
13	T13	UNSCHLGBVCHQ60405-27-2013	2013	Perú	Ayacucho	Huancasancos	Huancasancos	Huancasancos	3420
14	T14	UNSCHLGBVCHQ60405-28-2013	2013	Perú	Ayacucho	Huancasancos	Huancasancos	Huancasancos	3422
15	T15	UNSCHLGBVCHQ60405-30-2013	2013	Perú	Ayacucho	Huamanga	Acocro	Acocro	2761
16	T16	UNSCHLGBVCHQ60405-31-2013	2013	Perú	Ayacucho	La Mar	tambo	Tambo	3499
17	T17	UNSCHLGBVCHQ60405-32-2013	2013	Perú	Ayacucho	Sucre	chalcos	Ayalca	3649
18	T18	UNSCHLGBVCHQ60405-35-2013	2013	Perú	Junín	Huancayo	hualhuas	Hualhuas	3271
19	T19	UNSCHLGBVCHQ60405-297-2022	2022	Perú	Ayacucho	Lucanas	Chaviña	Chaviña	3210
20	T20	UNSCHLGBVCHQ60405-39-2013	2013	Perú	Ayacucho	Sucre	Querobamba	Querobamba	3508
21	T21	UNSCHLGBVCHQ60405-40-2013	2013	Perú	Junín	Huancavelica	Huancavelica	Huancavelica	5228
22	T22	UNSCHLGBVCHQ60405-41-2013	2013	Perú	Ayacucho	Víctor Fajardo	Víctor Fajardo	Víctor Fajardo	3102
23	T23	UNSCHLGBVCHQ60405-46-2013	2013	Perú	Ayacucho	Huamanga	Huamanga	Huamanga	2761
24	T24	UNSCHLGBVCHQ60405-47-2013	2013	Perú	Ayacucho	Huamanga	Huamanguilla	Huamanguilla	2760
25	T25	UNSCHLGBVCHQ60405-48-2013	2013	Perú	Ayacucho	Huamanga	Huamanguilla	Huamanguilla	2761
26	T26	UNSCHLGBVCHQ60405-49-2013	2013	Perú	Ayacucho	Huamanga	Vinchos	Vinchos	3150
27	T27	UNSCHLGBVCHQ60405-56-2013	2013	Perú	Ayacucho	Huamanga	Circamarca	Circamarca	3537
28	T28	UNSCHLGBVCHQ60405-57-2013	2013	Perú	Junín	Huancavelica	Angaraes	Angaraes	5228
29	T29	UNSCHLGBVCHQ60405-58-2013	2013	Perú	Ayacucho	Huamanga	Vinchos	Rosaspata	3150
30	T30	UNSCHLGBVCHQ60405-59-2013	2023	Perú	Ayacucho	Huamanga	Andrés Avelino Cáceres	Canaán	2763
31	T31	UNSCHLGBVCHQ60405-61-2013	2013	Perú	Ayacucho	Vilcas Huamán	Vilcas Huamán	Carhuanca	3471
32	T32	UNSCHLGBVCHQ60405-67-2013	2013	Perú	Ayacucho	Huamanga	Iguain	Macachacra	3025
33	T33	UNSCHLGBVCHQ60405-298-2022	2022	Perú	Ayacucho	Lucanas	Chaviña	Chaviña	3210

34	T34	UNSCHLGBVCHQ60405-70-2013	2013	Perú	Ayacucho	Huamanga	Huamanguilla	Huamanguilla	3276
35	T35	UNSCHLGBVCHQ60405-72-2013	2013	Perú	Ayacucho	Huamanga	Vinchos	Vinchos	3150
36	T36	UNSCHLGBVCHQ60405-76-2013	2013	Perú	Ayacucho	Huamanga	Ceccelambras	Ceccelambras	3050
37	T37	UNSCHLGBVCHQ60405-78-2013	2013	Perú	Ayacucho	Víctor Fajardo	Victor Fajardo	Victor Fajardo	3102
38	T38	UNSCHLGBVCHQ60405-80-2013	2013	Perú	Junín	Huancayo	Huancayo	Huancayo	3271
39	T39	UNSCHLGBVCHQ60405-83-2013	2013	Perú	Ayacucho	Sucre	Chilcayocc	Chilcayocc	3410
40	T40	UNSCHLGBVCHQ60405-85-2013	2013	Perú	Ayacucho	Huamanga	Ceccelambras	Ceccelambras	3050
41	T41	UNSCHLGBVCHQ60405-86-2013	2013	Perú	Ayacucho	Vilcas Huamán	Millpo	Millpo	3470
42	T42	UNSCHLGBVCHQ60405-87-2013	2013	Perú	Ayacucho	Cangallo	Cangallo	Nueva Esperanza	2570
43	T43	UNSCHLGBVCHQ60405-115-2013	2013	Perú	Ayacucho	Puquio	Puquio	Puquio	3214
44	T44	UNSCHLGBVCHQ60405-299-2022	2022	Perú	Ayacucho	Lucanas	Chaviña	Chaviña	3210
45	T45	UNSCHLGBVCHQ60405-120-2013	2013	Perú	Ayacucho	Puquio	Puquio	Puquio	3214
46	T46	UNSCHLGBVCHQ60405-125-2013	2013	Perú	Ayacucho	Parinacochas	Parinacochas	Parinacochas	3178
47	T47	UNSCHLGBVCHQ60405-126-2013	2013	Perú	Ayacucho	Parinacochas	Parinacochas	Parinacochas	3179
48	T48	UNSCHLGBVCHQ60405-129-2013	2013	Perú	Ayacucho	Parinacochas	Parinacochas	Parinacochas	3180
49	T49	UNSCHLGBVCHQ60405-133-2013	2013	Perú	Ayacucho	Paucar del Sara Sara	Pauza	Pauza	2518
50	T50	UNSCHLGBVCHQ60405-134-2013	2013	Perú	Ayacucho	Paucar del Sara Sara	Pauza	Pauza	2519
51	T51	UNSCHLGBVCHQ60405-137-2013	2013	Perú	Puno	Puno	Paucarcolla	Paucarcolla	3815
52	T52	UNSCHLGBVCHQ60405-138-2013	2013	Perú	Puno	Puno	Paucarcolla	Paucarcolla	3815
53	T53	UNSCHLGBVCHQ60405-140-2013	2013	Perú	Puno	Puno	Paucarcolla	Paucarcolla	3815
54	T54	UNSCHLGBVCHQ60405-141-2013	2013	Perú	Puno	Puno	Paucarcolla	Paucarcolla	3815
55	T55	UNSCHLGBVCHQ60405-144-2013	2013	Perú	Puno	Puno	Paucarcolla	Paucarcolla	3815
56	T56	UNSCHLGBVCHQ60405-146-2013	2013	Perú	Puno	Puno	Paucarcolla	Paucarcolla	3815
57	T57	UNSCHLGBVCHQ60405-147-2013	2013	Perú	Puno	Puno	Paucarcolla	Paucarcolla	3815
58	T58	UNSCHLGBVCHQ60405-148-2013	2013	Perú	Puno	Puno	Paucarcolla	Paucarcolla	3815
59	T59	UNSCHLGBVCHQ60405-151-2013	2013	Perú	Puno	Puno	Paucarcolla	Paucarcolla	3815
60	T60	UNSCHLGBVCHQ60405-152-2013	2013	Perú	Puno	Puno	Paucarcolla	Paucarcolla	3815
61	T61	UNSCHLGBVCHQ60405-153-2013	2013	Perú	Puno	Puno	Paucarcolla	Paucarcolla	3815
62	T62	UNSCHLGBVCHQ60405-154-2013	2013	Perú	Puno	Puno	Paucarcolla	Paucarcolla	3815
63	T63	UNSCHLGBVCHQ60405-155-2013	2013	Perú	Puno	Puno	Paucarcolla	Paucarcolla	3815
64	T64	UNSCHLGBVCHQ60405-157-2013	2013	Perú	Puno	Puno	Paucarcolla	Paucarcolla	3815
65	T65	UNSCHLGBVCHQ60405-158-2013	2013	Perú	Puno	Puno	Paucarcolla	Paucarcolla	3815
66	T66	UNSCHLGBVCHQ60405-159-2013	2013	Perú	Puno	Puno	Paucarcolla	Paucarcolla	3815
67	T67	UNSCHLGBVCHQ60405-160-2013	2013	Perú	Puno	Puno	Paucarcolla	Paucarcolla	3815
68	T68	UNSCHLGBVCHQ60405-161-2013	2013	Perú	Puno	Puno	Paucarcolla	Paucarcolla	3815
69	T69	UNSCHLGBVCHQ60405-162-2013	2013	Perú	Puno	Puno	Paucarcolla	Paucarcolla	3815
70	T70	UNSCHLGBVCHQ60405-163-2013	2013	Perú	Puno	Puno	Paucarcolla	Paucarcolla	3815
71	T71	UNSCHLGBVCHQ60405-164-2013	2013	Perú	Puno	Puno	Paucarcolla	Paucarcolla	3815

72	T72	UNSCHLGBVCHQ60405-300-2022	2022	Perú	Ayacucho	Ayacucho	Puquio	Chaviña	3210
73	T73	UNSCHLGBVCHQ60405-166-2013	2013	Perú	Puno	Puno	Paucarcolla	Paucarcolla	3815
74	T74	UNSCHLGBVCHQ60405-167-2013	2013	Perú	Puno	Puno	Paucarcolla	Paucarcolla	3815
75	T75	UNSCHLGBVCHQ60405-168-2013	2013	Perú	Puno	Puno	Paucarcolla	Paucarcolla	3815
76	T76	UNSCHLGBVCHQ60405-169-2013	2013	Perú	Puno	Puno	Paucarcolla	Paucarcolla	3815
77	T77	UNSCHLGBVCHQ60405-170-2013	2013	Perú	Puno	Puno	Paucarcolla	Paucarcolla	3815
78	T78	UNSCHLGBVCHQ60405-171-2013	2013	Perú	Puno	Puno	Paucarcolla	Paucarcolla	3815
79	T79	UNSCHLGBVCHQ60405-174-2015	2015	Perú	Ayacucho	Huamanga	Huamanga	LGBV-UNSCH	2760
80	T80	UNSCHLGBVCHQ60405-176-2015	2015	Perú	Ayacucho	Huamanga	Huamanga	LGBV-UNSCH	2760
81	T81	UNSCHLGBVCHQ60405-179-2015	2015	Perú	Ayacucho	Huamanga	Huamanga	LGBV-UNSCH	2760
82	T82	UNSCHLGBVCHQ60405-193-2015	2015	Perú	Ayacucho	Huamanga	Huamanga	LGBV-UNSCH	2760
83	T83	UNSCHLGBVCHQ60405-208-2015	2015	Perú	Ayacucho	Huamanga	Huamanga	LGBV-UNSCH	2760
84	T84	UNSCHLGBVCHQ60405-209-2015	2015	Perú	Ayacucho	Huamanga	Huamanga	LGBV-UNSCH	2760
85	T85	UNSCHLGBVCHQ60405-210-2015	2015	Perú	Ayacucho	Huamanga	Huamanga	LGBV-UNSCH	2760
86	T86	UNSCHLGBVCHQ60405-212-2015	2015	Perú	Ayacucho	Huamanga	Huamanga	LGBV-UNSCH	2760
87	T87	UNSCHLGBVCHQ60405-213-2015	2015	Perú	Ayacucho	Huamanga	Huamanga	LGBV-UNSCH	2760
88	T88	UNSCHLGBVCHQ60405-214-2015	2015	Perú	Ayacucho	Huamanga	Huamanga	LGBV-UNSCH	2760
89	T89	UNSCHLGBVCHQ60405-215-2015	2015	Perú	Ayacucho	Huamanga	Huamanga	LGBV-UNSCH	2760
90	T90	UNSCHLGBVCHQ60405-216-2015	2015	Perú	Ayacucho	Huamanga	Huamanga	LGBV-UNSCH	2760
91	T91	UNSCHLGBVCHQ60405-217-2015	2015	Perú	Ayacucho	Huamanga	Huamanga	LGBV-UNSCH	2760
92	T92	UNSCHLGBVCHQ60405-218-2015	2015	Perú	Ayacucho	Huamanga	Huamanga	LGBV-UNSCH	2760
93	T93	UNSCHLGBVCHQ60405-219-2015	2015	Perú	Ayacucho	Huamanga	Huamanga	LGBV-UNSCH	2760
94	T94	UNSCHLGBVCHQ60405-220-2015	2015	Perú	Ayacucho	Huamanga	Huamanga	LGBV-UNSCH	2760
95	T95	UNSCHLGBVCHQ60405-221-2015	2015	Perú	Ayacucho	Huamanga	Huamanga	LGBV-UNSCH	2760
96	T96	UNSCHLGBVCHQ60405-223-2015	2015	Perú	Ayacucho	Huamanga	Huamanga	LGBV-UNSCH	2760
97	T97	UNSCHLGBVCHQ60405-225-2015	2015	Perú	Ayacucho	Huamanga	Huamanga	LGBV-UNSCH	2760
98	T98	UNSCHLGBVCHQ60405-226-2015	2015	Perú	Ayacucho	Huamanga	Huamanga	LGBV-UNSCH	2760
99	T99	UNSCHLGBVCHQ60405-227-2015	2015	Perú	Ayacucho	Huamanga	Huamanga	LGBV-UNSCH	2760
100	T100	UNSCHLGBVCHQ60405-228-2015	2015	Perú	Ayacucho	Huamanga	Huamanga	LGBV-UNSCH	2760
101	T101	UNSCHLGBVCHQ60405-230-2015	2015	Perú	Ayacucho	Huamanga	Huamanga	LGBV-UNSCH	2760
102	T102	UNSCHLGBVCHQ60405-231-2015	2015	Perú	Ayacucho	Huamanga	Huamanga	LGBV-UNSCH	2760
103	T103	UNSCHLGBVCHQ60405-232-2015	2015	Perú	Ayacucho	Huamanga	Huamanga	LGBV-UNSCH	2760
104	T104	UNSCHLGBVCHQ60405-233-2015	2015	Perú	Ayacucho	Huamanga	Huamanga	LGBV-UNSCH	2760
105	T105	UNSCHLGBVCHQ60405-234-2015	2015	Perú	Ayacucho	Huamanga	Huamanga	LGBV-UNSCH	2760
106	T106	UNSCHLGBVCHQ60405-238-2022	2022	Perú	Ayacucho	Huamanga	Andrés Avelino Cáceres	CEE-CANAÁN-INIA	2760
107	T107	UNSCHLGBVCHQ60405-239-2022	2022	Perú	Ayacucho	La mar	San Miguel	San Miguel	2661
108	T108	UNSCHLGBVCHQ60405-240-2022	2022	Perú	Ayacucho	La mar	San Miguel	San Miguel	2661
109	T109	UNSCHLGBVCHQ60405-241-2022	2022	Perú	Ayacucho	Huamanga	Andrés Avelino Cáceres	CEE-CANAÁN-INIA	2760

110	T110	UNSCHLGBVCHQ60405-242-2022	2022	Perú	Ayacucho	La mar	Tambo	Tambo	3319
111	T111	UNSCHLGBVCHQ60405-243-2022	2022	Perú	Ayacucho	Huamanga	Andrés Avelino Cáceres	CEE-CANAÁN-INIA	2760
112	T112	UNSCHLGBVCHQ60405-245-2022	2022	Perú	Ayacucho	Vilcas Huamán	Vilcas Huaman	Vilcas Huamán	3490
113	T113	UNSCHLGBVCHQ60405-246-2022	2022	Perú	Ayacucho	Sucre	Querobamba	Querobamba	4370
114	T114	UNSCHLGBVCHQ60405-247-2022	2022	Perú	Ayacucho	Sucre	Querobamba	Querobamba	4371
115	T115	UNSCHLGBVCHQ60405-248-2022	2022	Perú	Ayacucho	Sucre	Querobamba	Querobamba	4370
116	T116	UNSCHLGBVCHQ60405-249-2022	2022	Perú	Ayacucho	La mar	San Miguel	San Miguel	2661
117	T117	UNSCHLGBVCHQ60405-253-2022	2022	Perú	Puno	Puno	Puno	Puno	3827
118	T118	UNSCHLGBVCHQ60405-260-2022	2022	Perú	Ayacucho	Acocro	Chontaca	Chontaca	3245
119	T119	UNSCHLGBVCHQ60405-261-2022	2022	Perú	Ayacucho	Huamanga	Andrés Avelino Cáceres	CEE-CANAÁN-INIA	2760
120	T120	UNSCHLGBVCHQ60405-262-2022	2022	Perú	Ayacucho	Huamanga	Andrés Avelino Cáceres	CEE-CANAÁN-INIA	2760
121	T121	UNSCHLGBVCHQ60405-264-2022	2022	Perú	Ayacucho	Huamanga	Chiara	Allpachaca	3583
122	T122	UNSCHLGBVCHQ60405-293-2022	2022	Perú	Ayacucho	Lucanas	Chaviña	Chaviña	3210
123	T123	UNSCHLGBVCHQ60405-266-2022	2022	Perú	Ayacucho	Huamanga	Andrés Avelino Cáceres	CEE-CANAÁN-INIA	2760
124	T124	UNSCHLGBVCHQ60405-267-2022	2022	Perú	Ayacucho	Huamanga	Andrés Avelino Cáceres	CEE-CANAÁN-INIA	2760
125	T125	UNSCHLGBVCHQ60405-270-2022	2022	Perú	Ayacucho	Huamanga	Chiara	Manallasacc	3580
126	T126	UNSCHLGBVCHQ60405-271-2022	2022	Perú	Ayacucho	Acocro	Chontaca	Chontaca	3245
127	T127	UNSCHLGBVCHQ60405-272-2022	2022	Perú	Ayacucho	Acocro	Chontaca	Chontaca	3245
128	T128	UNSCHLGBVCHQ60405-274-2022	2022	Perú	Ayacucho	Huancasancos	Huancasancos	Huancasancos	3525
129	T129	UNSCHLGBVCHQ60405-275-2022	2022	Perú	Junín	Huancayo	Huancayo	Huancayo	3259
130	T130	UNSCHLGBVCHQ60405-277-2022	2022	Perú	Ayacucho	Huamanga	Andrés Avelino Cáceres	CEE-CANAÁN-INIA	2760
131	T131	UNSCHLGBVCHQ60405-278-2022	2022	Perú	Ayacucho	Huamanga	Chiara	Huamanga	3580
132	T132	UNSCHLGBVCHQ60405-279-2022	2022	Perú	Ayacucho	Huamanga	Chiara	Huamanga	3580
133	T133	UNSCHLGBVCHQ60405-280-2022	2022	Perú	Ayacucho	Lucanas	Lucanas	Chaviña	3210
134	T134	UNSCHLGBVCHQ60405-281-2022	2022	Perú	Ayacucho	Lucanas	Lucanas	Chaviña	3210
135	T135	UNSCHLGBVCHQ60405-282-2022	2022	Perú	Ayacucho	Lucanas	Lucanas	Chaviña	3210
136	T136	UNSCHLGBVCHQ60405-283-2022	2022	Perú	Ayacucho	Lucanas	Lucanas	Chaviña	3210
137	T137	UNSCHLGBVCHQ60405-284-2022	2022	Perú	Ayacucho	Lucanas	Lucanas	Chaviña	3210
138	T138	UNSCHLGBVCHQ60405-285-2022	2022	Perú	Ayacucho	Lucanas	Lucanas	Chaviña	3210
139	T139	UNSCHLGBVCHQ60405-286-2022	2022	Perú	Ayacucho	Lucanas	Lucanas	Chaviña	3210
140	T140	UNSCHLGBVCHQ60405-287-2022	2022	Perú	Ayacucho	Lucanas	Lucanas	Chaviña	3210
141	T141	UNSCHLGBVCHQ60405-288-2022	2022	Perú	Ayacucho	Lucanas	Lucanas	Chaviña	3210
142	T142	UNSCHLGBVCHQ60405-289-2022	2022	Perú	Ayacucho	Lucanas	Lucanas	Chaviña	3210
143	T143	UNSCHLGBVCHQ60405-290-2022	2022	Perú	Ayacucho	Lucanas	Lucanas	Chaviña	3210
144	T144	UNSCHLGBVCHQ60405-291-2022	2022	Perú	Ayacucho	Lucanas	Lucanas	Chaviña	3210

2.6. Diseño experimental

Para evaluar la variabilidad fenotípica de características agromorfológicas en campo se utilizó el diseño experimental Látice Simple 12×12 con dos repeticiones.

Modelo aditivo lineal (MAL)

$$Y_{ijk} = \mu + T_i + B_j + S_k + ee_{ijk}$$

Donde:

Y_{ijk} : Rendimiento del i-ésimo tratamiento en la j-ésima repetición, del k-ésimo Bloque incompleto.

μ : promedio de las unidades experimentales

T_i : efecto del i-ésimo tratamiento

B_j : efecto del j-ésimo bloque o repetición

S_k : Es el k-ésimo bloque incompleto

ee_{ijk} : Es el error experimental del i-ésimo tratamiento, en la j-ésima repetición, del k-ésimo bloque incompleto.

i: varia de 1,2, 3,...,t (subíndice de variación de tratamientos)

j: varia de 1,2, 3,...,r (subíndice de variación de bloques o repeticiones)

k: número de bloques incompletos

2.6.1. Características del campo experimental

La unidad experimental corresponde una parcela de tales medidas: 3 m de largo por 2.4 m de ancho, en la cual se encuentran tres surcos, con una densidad de 20 plantas por metro lineal, cuyas características se encuentran en la tabla 2.4 y Figura 2.4.

Tabla 2.4

Características del campo experimental

Descripción	Unidad	Medida
Largo de parcela	m	3
Ancho de parcela	m	2.4
Área de parcela	m ²	7.2
Ancho de camino horizontal	m	0.8
Ancho de camino vertical	m	0.8
Largo de bloque	m	45.6
Ancho de bloque	m	38.4
Área de cada bloque	m ²	1751.04
Distancia entre plantas	m	0.05
Número de plantas/surco	unidades	60
Número de surcos/UE	unidades	3
Total de plantas/UE	unidades	180
Distancia entre surcos	m	0.8
Número de accesiones/bloque	unidades	144
Total de área/dos bloques	m ²	3502.08

Figura 2.3

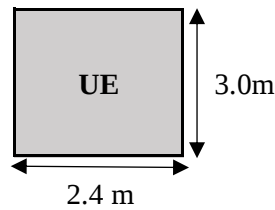
Esquema de distribución de las 144 accesiones del cultivo de C. quinoa en la parcela de la EEA Caanán-INIA.

BLOQUE I												
SB1	T1: 1	T13:27	T25: 48	T37: 78	T49:133	T61: 153	T73: 166	T85: 210	T97: 225	T109: 241	T121: 264	T133: 281
SB2	T2: 6	T14: 28	T26: 49	T38: 80	T50: 134	T62: 154	T74: 167	T86: 212	T98: 226	T110: 242	T122: 266	T134: 282
SB3	T3: 7	T15: 30	T27: 56	T39: 83	T51: 137	T63:155	T75: 168	T87: 213	T99: 227	T111: 243	T123: 267	T135: 283
SB4	T4: 9	T16: 31	T28: 57	T40: 85	T52: 138	T64: 157	T76: 169	T88: 214	T100: 228	T112: 245	T124: 270	T136: 284
SB5	T5:10	T17: 32	T29: 58	T41: 86	T53: 140	T65: 158	T77: 170	T89: 215	T101:230	T113: 246	T125: 271	T137: 285
SB6	T6:14	T18: 35	T30: 59	T42: 87	T54: 141	T66: 159	T78: 171	T90: 216	T102: 231	T114: 247	T126: 280	T138: 293A
SB7	T7: 293B	T19: 297	T31: 61	T43: 115	T55: 144	T67: 160	T79: 174	T91: 217	T103: 233	T115: 248	T127: 272	T139: 286
SB8	T8: 294	T20: 39	T32: 67	T44: 299	T56: 146	T68: 161	T80: 176	T92: 218	T104: 234	T116: 249	T128: 274	T140: 287
SB9	T9:295	T21: 292	T33: 298	T45: 120	T57: 147	T69: 162	T81: 179	T93: 219	T105: 238	T117: 253	T129: 275	T141: 288
SB10	T10:296	T22: 41	T34: 70	T46: 125	T58: 148	T70: 163	T82: 193	T94: 220	T106: 239	T118: 260	T130: 277	T142: 289
SB11	T11:24	T23: 46	T35: 72	T47: 126	T59: 151	T71: 164	T83: 208	T95: 221	T107:240	T119:261	T131: 278	T143: 290
SB12	T12: 25	T24: 47	T36: 76	T48: 129	T60: 152	T72: 300	T84: 209	T96: 223	T108: 248	T120: 262	T132: 279	T144: 291

BLOQUE II												
SB1	T1: 1	T2: 6	T3: 7	T4: 9	T5:10	T6:14	T7: 293B	T8: 294	T9:295	T10:296	T11:24	T12: 25
SB2	T13:27	T14: 28	T15: 30	T16: 31	T17: 32	T18: 35	T19: 297	T20: 39	T21: 292	T22: 41	T23: 46	T24: 47
SB3	T25: 48	T26: 49	T27: 56	T28: 57	T29: 58	T30: 59	T31: 61	T32: 67	T33: 298	T34: 70	T35: 72	T36: 76
SB4	T37: 78	T38: 80	T39: 83	T40: 85	T41: 86	T42: 87	T43: 115	T44: 299	T45: 120	T46: 125	T47: 126	T48: 129
SB5	T49:133	T50: 134	T51: 137	T52: 138	T53: 140	T54: 141	T55: 144	T56: 146	T57: 147	T58: 148	T59: 151	T60: 152
SB6	T61: 153	T62: 154	T63:155	T64: 157	T65: 158	T66: 159	T67: 160	T68: 161	T69: 162	T70: 163	T71: 164	T72: 300
SB7	T73: 166	T74: 167	T75: 168	T76: 169	T77: 170	T78: 171	T79: 174	T80: 176	T81: 179	T82: 193	T83: 208	T84: 209
SB8	T85: 210	T86: 212	T87: 213	T88: 214	T89: 215	T90: 216	T91: 217	T92: 218	T93: 219	T94: 220	T95: 221	T96: 223
SB9	T97: 225	T98: 226	T99: 227	T100: 228	T101:230	T102: 231	T103: 233	T104: 234	T105: 238	T106: 239	T107:240	T108: 248
SB10	T109: 241	T110: 242	T111: 243	T112: 245	T113: 246	T114: 247	T115: 248	T116: 249	T117: 253	T118: 260	T119:261	T120: 262
SB11	T121: 264	T122: 266	T123: 267	T124: 270	T125: 271	T126: 280	T127: 272	T128: 274	T129: 275	T130: 277	T131: 278	T132: 279
SB12	T133: 281	T134: 282	T135: 283	T136: 284	T137: 285	T138: 293A	T139: 286	T140: 287	T141: 288	T142: 289	T143: 290	T144: 291

Figura 2.4

Representación gráfica de la unidad experimental



2.7. Instalación y manejo agronómico de 144 accesiones del germoplasma de *Chenopodium quinoa* Willd en condiciones de campo.

2.7.1. Preparación del terreno

Esta labor se realizó el 05 de diciembre del 2023 de forma mecanizada, empezando por un riego de gravedad para mantener la humedad del suelo, luego se prosiguió con la roturación del suelo con un arado de disco y luego se pasó la rastra para mullir el suelo.

2.7.2. Surcado

La apertura de surcos se realizó el 17 de diciembre del 2023, para ello se utilizó el tractor agrícola de acuerdo al distanciamiento establecido, que fue de 0.80 m; los surcos tuvieron 10 cm de profundidad. Luego se procedió a la delimitación de los bloques y parcelas guiados por el croquis experimental.

2.7.3. Estacado y demarcación del terreno

Se colocaron estacas en el perímetro y se bloqueó el terreno con yeso de acuerdo al croquis el mismo día del surcado.

2.7.4. Abonamiento

La dosis de abonamiento fue de 80-80-40 kg/ha. Las fuentes empleadas fueron urea y fosfato diamónico y cloruro de potasio complementado con ácidos húmicos(60mL/20L) El abonamiento nitrogenado se fraccionó en dos partes a la siembra y en el aporque.

2.7.5. Distribución de los tratamientos

Los tratamientos fueron distribuidos en bolsas, en la cabecera de cada parcela, de acuerdo al croquis experimental el mismo día de la siembra.

2.7.6. Siembra

La siembra se realizó el 19 de diciembre del 2023, en suelo seco, de forma manual. Las semillas se colocaron a chorro continuo en el costillar del surco. La densidad fue de 10 kg/ha para todas las accesiones de quinua. El distanciamiento entre surco fue de 0.80 m. Al momento del tapado de las semillas se procuró que éstas queden a no más de 2 cm de profundidad con ayuda de una rama de pino.

2.7.7. Riegos

Se realizó la instalación de riego por goteo el cual fue necesario en la primera etapa del cultivo. Después no fue necesario realizar las labores de riego durante el desarrollo del cultivo; ya que, el periodo de lluvia fue constante. Esta labor se realizó el 12 de diciembre del 2023.

2.7.8. Desahije

Se realizó cuando las plantas estaban en las fases de desarrollo vegetativo, con un tamaño aproximado de 30 cm. Dejando 30 plantas/m lineal. Esta labor se realizó el 16 de enero del 2024.

2.7.9. Ronguing

Se realizó durante el desahíje, consistió en eliminar plantas débiles del mismo genotipo y plantas diferentes a la accesión sembrada.

2.7.10. Embolsado de panojas

Se realizó el embolsado cubriendo la panoja de tres plantas del surco central, de acuerdo a las fases de floración, utilizando papel vegetal, con la finalidad de evitar la polinización cruzada y garantizar autofecundación.

2.7.11. Control de malezas

Se realizó de forma manual a los 30 dds, en forma simultánea con el desahije, aprovechando la humedad del suelo. Se realizaron deshierbes complementarios posteriormente.

2.7.12. Aporque

El aporque se realizó en el momento del desahije y se utilizó esta labor para cubrir la úrea de la aplicación complementaria del nitrógeno. Asimismo, permitió dar mayor fijación a las plantas y controlar las malezas ubicadas entre los surcos. Esta labor se realizó el 30 de enero del 2024.

2.7.13. Control fitosanitario

El control de gusanos de tierra se realizará a través de riegos pesados. Se presentaron dos enfermedades: Chupadera fungosa se controló la presencia de esta a los 7 y 14 días después de la emergencia con la primera aplicación de Botryzim (Carhendazim). Asimismo, la presencia de mildiú (*Peronospora variabilis*) con 3 aplicaciones de Moxan (Mancozeb) luego de evaluar la severidad (en porcentaje de área foliar afectada).

1ra aplicación: 17 de enero 2024.

2da aplicación: 25 de enero del 2024.

3er control fitosanitario: 09 de febrero del 2024.

4to control fitosanitario: 24 de febrero del 2024.

Dosis

Moxan (Mancozeb): 80gr/20L H₂O

Adherente: 5mL/20L

Cyperklin: 10 mL/20L

Para el control de aves que afectaron a las panojas se utilizaron espantapájaros y cuetecillos.

2.7.14. Cosecha

La cosecha se realizó de acuerdo a la madurez fisiológica de cada accesión. Se cortaron las panojas y se llevó al túnel de secado sobre mantas, para que sequen completamente. Una vez secas, se llevó a cabo la trilla. Finalmente, se procedió a limpiar los granos usando una ventiladora.

2.8. Metodología para la caracterización de la variabilidad de 144 accesiones del germoplasma de *Chenopodium quinoa* Willd basado en componentes agromorfológicos.

La caracterización agromorfológica se realizó utilizando el descriptor morfológico de *Chenopodium quinoa* y parientes silvestres de Bioversity International (FAO, 2013), evaluando en las fases fenológicas de crecimiento vegetativo, floración y madurez fisiológica; tomando datos de las plantas ubicadas en el surco central para evitar efecto borde.

La lista de los descriptores utilizados son los siguientes:

Densidad de plantas

3 Escasa

5 Intermedia

7 Alta

Tipo de crecimiento

1 Herbáceo

2 Arbustivo

Hábito de crecimiento

1 Simple

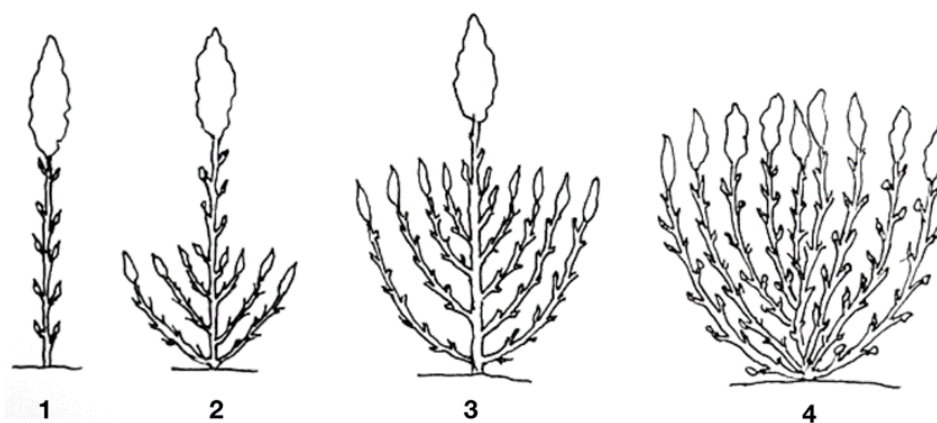
2 Ramificado hasta el tercio inferior

3 Ramificado hasta el segundo tercio

4 Ramificado con panoja principal no definida

Figura 2.5

Hábito de crecimiento de Chenopodium quinoa Willd



Fuente: Descriptores para la quinua y sus parientes silvestres, Bioversity International, et al. (2013)

Tallo

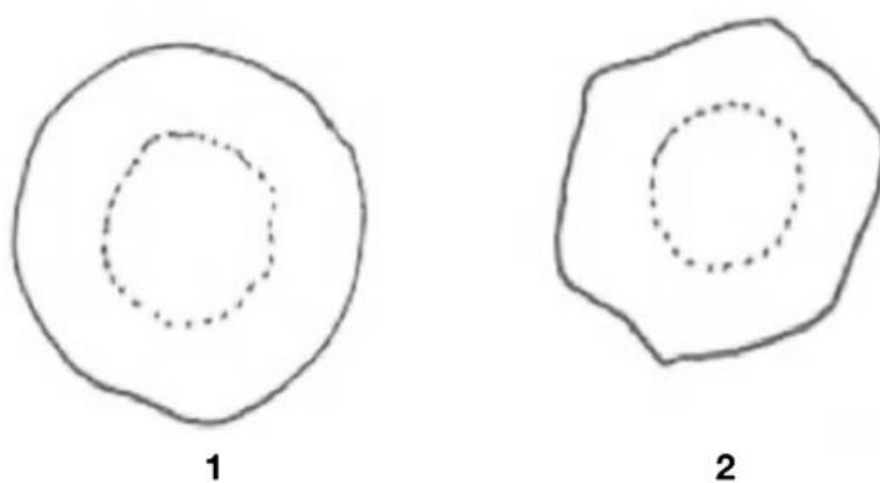
Forma de tallo principal: desde vista transversal. Observado en el tercio inferior de la planta en la madurez fisiológica.

1 Cilíndrico

2 Anguloso

Figura 2.6

Forma de tallo principal de Chenopodium quinoa Willd



Fuente: Descriptores para la quinua y sus parientes silvestres, Bioversity International, et al. (2013)

Color del tallo principal: se registra el color predominante en el tallo principal en la madurez fisiológica.

1 Blanco

2 Púrpura

3 Rojo

4 Rosado

5 Amarillo

6 Anaranjado

7 Marrón

8 Gris

9 Negro

10 Verde

99 Otros

Presencia de axilas pigmentadas: observado en la intersección entre el tallo principal y las ramas primarias, cuando la planta está en plena floración.

0 Ausente

1 Presente

2 No determinadas (aquellas plantas de tallo y ramas de color rojo, donde no se puede apreciar la presencia de axilas pigmentadas)

Presencia de estrías: observado en el tallo principal de la planta cuando está en floración.

0 Ausente

1 Presente

Color de las estrías: se visualiza en la parte media del tercio medio de la planta en plena floración.

1 Verde

2 Amarilla

3 Roja

4 Púrpura

99 Otro

Porcentaje de plantas acamadas (%): registrado mediante la relación número de plantas acamadas sobre el número total de plantas de la accesión por cien, indicando la fase fenológica en la que ha ocurrido.

Ramificación

Presencia de ramificación

0 Ausente

1 Presente

Número de ramas primarias: contados desde la base hasta el segundo tercio de la planta, en la madurez fisiológica.

Posición de las ramas primarias

1 Salen oblicuamente del tallo principal

2 Salen de la base con una cierta curvatura

Hoja

Descripción de hojas del tercio medio del tallo principal de la planta, seleccionadas en plena floración de al menos 10 plantas.

Forma de hoja

1 Romboidal

2 Triangular

Margen (borde) de la hoja

1 Entero

2 Triangular

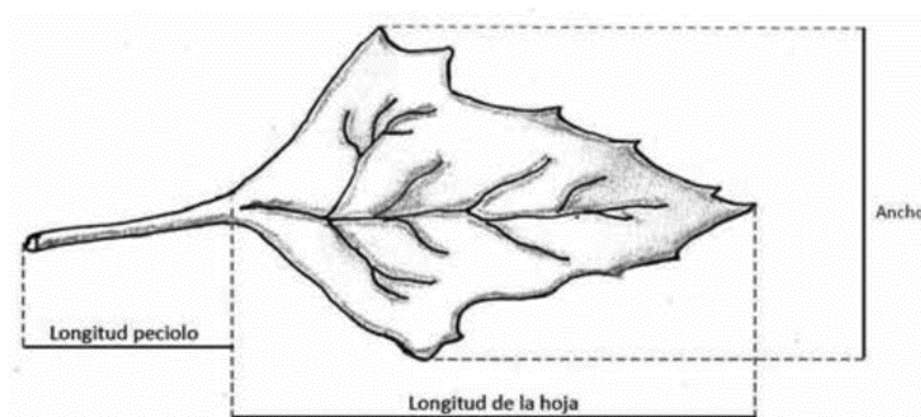
3 Aserrado

Número de dientes en la hoja: número total de dientes por hoja, realizando el conteo en 10 hojas basales (una hoja por planta)

Longitud del pecíolo (cm): medida de al menos 10 plantas; una hoja por planta.

Figura 2.7

Medidas de la hoja de Chenopodium quinoa Willd.



Fuente: Descriptores para la quinua y sus parientes silvestres, Bioversity International, et al. (2013)

Longitud máxima de la hoja (cm): medida de al menos 10 plantas (una hoja por planta).

Ancho máximo de la hoja (cm): media de al menos 10 plantas (una hoja por planta).

Color del pecíolo.

1 Verde

2 Verde-Rojo

3 Rojo

Color de lámina foliar

1 Verde

2 Verde- Rojo

3 Rojo

Color de gránulos en las hojas: observado en plena floración.

0 Ausente

1 Blanco

2 Blanco – Rojo

Inflorescencia

Presencia de androesterilidad: observado en plena floración.

0 Ausente

1 Presente

Color de la panoja en la floración

1 Verde

2 Púrpura

3 Rojo

4 Mixtura(púrpura y rojo)

Color de la panoja en la madurez fisiológica

1 Blanco

2 Púrpura

3 Rojo

4 Rosado

5 Amarillo

6 Anaranjado

7 Marrón

8 Gris

9 Negro

10 Rojo y blanco

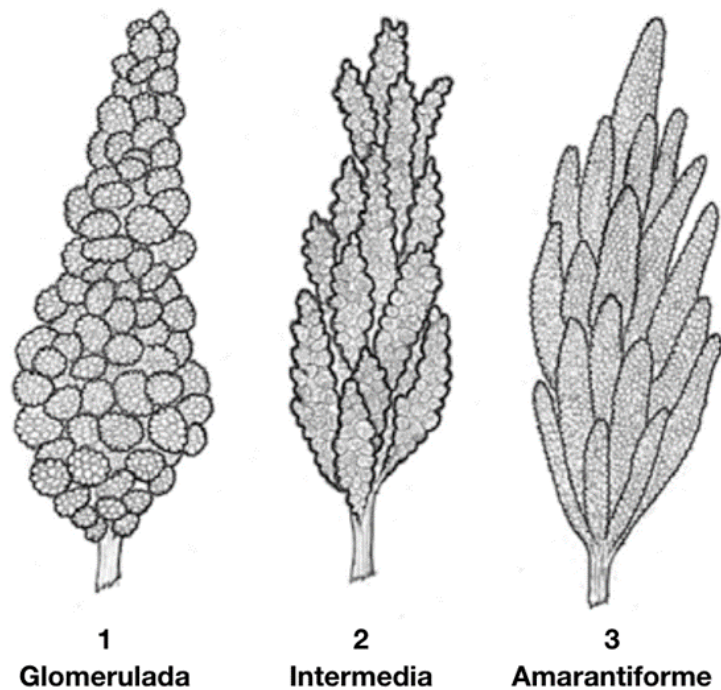
- 11 Rojo y rosado
- 12 Rojo y amarillo
- 13 Verde
- 14 Rojo y verde
- 99 Otros

Forma de la panoja

- 1 Glomerulada (glomérulos están insertos en los ejes glomerulares y presentan una forma globosa)
- 2 Intermedia (apariencia de ambas formas)
- 3 Amarantiforme (los glomérulos están insertos directamente en el eje secundario y presentan una forma alargada)

Figura 2.8

Forma de panoja de Chenopodium quinoa Willd



Fuente: Descriptores para la quinua y sus parientes silvestres, Bioversity International, et al. (2013)

Densidad de la panoja

- 1 Laxa
- 2 Intermedia
- 3 Compacta

Características del grano

Grado de dehiscencia: adherencia del grano cuando se encuentra en la madurez fisiológica al medio día.

- 1 Ligera
- 2 Regular
- 3 Fuerte

Aspecto del perigonio: registrado en la madurez fisiológica.

- 1 Semiabierta
- 2 Cerrada

Color del perigonio

- 1 Verde
- 2 Blanco
- 3 Crema
- 4 Amarillo
- 5 Amarillo dorado
- 6 Rosado
- 7 Rojo
- 8 Anaranjado
- 9 Café claro
- 10 Café
- 11 Café oscuro
- 12 Café rojizo
- 13 Púrpura
- 14 Gris
- 15 Negro
- 99 Otro

Aspecto del pericarpio

- 1 Cenizo
- 2 Sucroso

Color de pericarpio

- 1 Crema
- 2 Amarillo
- 3 Amarillo dorado
- 4 Rosado
- 5 Rojo
- 6 Café claro
- 7 Café
- 8 Café oscuro
- 9 Café verdoso
- 10 Púrpura
- 99 Otro

Apariencia del episperma

- 1 Vítreo
- 2 Opaco

Color de episperma

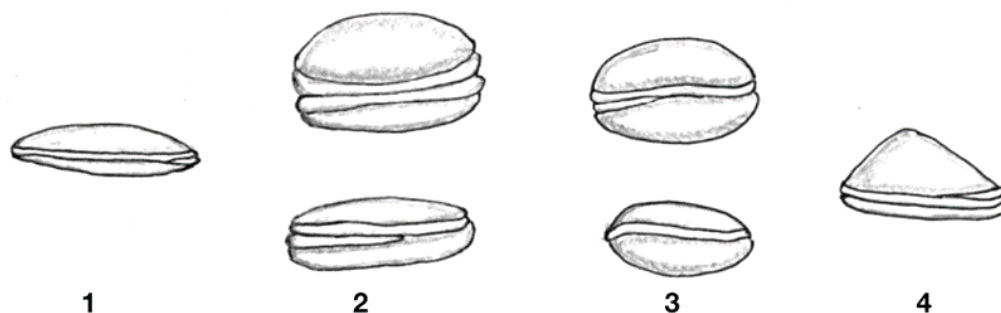
- 1 Transparente
- 2 Blanco
- 3 Crema
- 4 Café claro
- 5 Café
- 6 Café oscuro
- 7 Café rojizo
- 8 Negro
- 99 Otro

Forma del grano

- 1 Lenticular
- 2 Cilíndrico
- 3 Elipsoidal
- 4 Cónico

Figura 2.9

Forma de grano de Chenopodium quinoa Willd



Fuente: Descriptores para la quinua y sus parientes silvestres, Bioversity International, et al. (2013)

2.8.1. Análisis estadístico

En base a los datos recopilados en la tabla mostrada en el Anexo 2, se realizó el análisis estadístico de lo registrado durante las fases fenológicas señaladas para la caracterización agromorfológica de los caracteres cualitativos. Los cálculos se realizarán haciendo uso del programa Rstudio para el análisis de caracteres cualitativos se realizó la distribución de frecuencias, agrupamiento jerárquico de cluster, análisis de componentes principales, análisis de correspondencia y para los datos cuantitativos se realizó análisis de varianza (ANOVA, $\alpha=0.05$)

2.9. Metodología de estandarización de PCR para marcador INDEL en accesiones del germoplasma de *Chenopodium quinoa* Willd.

2.9.1. Extracción de ADN de *Chenopodium quinoa* W.

a. El protocolo CTAB2X con nitrógeno líquido

Este protocolo se fue estandarizando con algunas modificaciones en el Laboratorio de Genética y Biotecnología Vegetal -FCA de la Universidad San Cristóbal de Huamanga.

Para cada muestra de quinua se seguirá el procedimiento:

1. Añadir dos perlas de 5 mm a un tubo eppendorf de 2mL, colocar alrededor de 50 mg de hoja tierna y fresca en el tubo.
2. Colocar los tubos dentro del termo de nitrógeno líquido por 10 segundos. Sacudir el tubo eppendorf contenido de las perlas y folios.

3. En el tubo de eppendorf adicionar 700 μ L de CTAB2X (buffer de extracción) y 2 μ L de b-mercaptoetanol, darle vortex por un minuto hasta completar la homogenización.
4. Incubar en thermromixer por 2 horas a 65 °C (cada 15 min voltear los tubos de eppendorf). Dejar enfriar a T° ambiente por 2 minutos.
5. Agregue 600 μ L de cloroformo alcohol isoamílico (24:1) y spin ligero.
6. Centrifugar a 12700 RPM por 6 min. Transferir la parte acuosa superior a un nuevo tubo de 2 mL
7. Agregar 50 μ L de CTAB 10X mezclar por inversión y repetir pasos 5 y 6.
8. Agregar 500 μ L de isopropanol frio e invertir varias veces y dejar a -20 °C por 15 minutos. Centrifugar a 12700 RPM por 22 minutos y descartar el sobrenadante.
9. Lavar el pellet de ADN en 1mL de EtOH al 80%. por un minuto y centrifugar a 12700 RPM por 22 minutos y descartar el EtOH.
10. Lavar por inversión el pellet con 1mL de EtOH al 90% a 12700RPM por 11 minutos, descartar el etanol y dejar secar el pellet por 24 horas.
11. Añadir 100 μ L de TE hasta diluir el pellet y guardar en la refrigeradora a 4 °C.

b. Protocolo CTAB2X con ultracongelación

1. Tomar dos muestras de hoja verdaderas y colocarlas a un tubo Ependorf de 2mm contenido de dos perlas. Introducir al ultracongelador(-80 °C) por 10 minutos con la tapa abierta.
2. Añadir 700 μ L de CTAB2X y sacudir los tubos. Añadir 2 μ L de B-mercaptoetanoly darle spin por 1 minuto.
3. Incubar los tubos a 65 °C durante 2 horas. Invertir cada 15 minutos. Dejar enfriar a T° ambiente por 2 minutos.
4. Agregar 600 μ L de cloroformo alcohol isoamílico (24:1) invertir lentamente y darle spin ligero.
5. Centrifugar a 12700 RPM por 6 minutos. Transferir la parte acuosa superior a un nuevo tubo de 2 μ L.
6. Agregar 50 μ L CTAB10X mezclar por inversión y repetir los pasos 4 y 5.
7. Adicionar 500 μ L de isopropanol e invertir varias veces y dejar a -20°Cpor 15 minutos.

8. Centrifugar a 12700 RPM por 22 minutos y descartar el sobrenadante.
9. Lavar por inversión el pellet con 1 mL de EtOH al 80% por 1 minuto y centrifugar a 12700 RPM. Por 11 minutos y descartar el EtOH, Invertir el tubo y dejar secar por 24 horas.
10. Resuspender el ADN extraído en 100 μ L de T10E1.
11. Almacenar el ADN a 4 °C.

c. Protocolo Villanova

1. Añadir una perla de 5 mm a un tubo eppendorf de 2mL, colocar alrededor de 50 mg de tejido liofilizado fresco en el tubo e inmediatamente congelar en nitrógeno líquido.
2. Sacudir el tubo con las perlas y folios hasta que el tejido este completamente triturado.
3. Añadir 600 μ L de CTAB2X (buffer de extracción) y 14 μ L de b-mercaptoetanol, darle vortex por 30 seg. hasta completar la homogenización.
4. Incubar en thermomixer por 30 min a 65 °C (cada 10 min voltear los tubos de eppendorf)
5. Mantener en la refrigeración a 4 °C por 30 min.
6. Añadir 700 μ L de cloroformo alcohol isoamílico (24:1).
7. Darle vortex hasta que las dos fases desaparezcan y una especie de nube sea visible (entre 30 seg a 1 min).
8. Centrifugar a 12700 rpm por 20 min a 4 °C.
9. Recuperar la fase sobrenadante y transferida a un tubo nuevo de 2 mL
10. Agregar 480 μ L de tampón unión e invertir suavemente el tubo con la mano hasta completar la mezcla.
11. Posteriormente agregar 600 μ L de etanol absoluto y volver a invertir el tubo hasta completar la mezcla.
12. Invertir los tubos cuidadosamente durante 5 minutos
13. Centrifugar durante 10 minutos a 12 700 rpm a 4 °C.
14. Descartar el sobrenadante por decantación y añadir 700 μ L de EtOH 70%
15. Resuspender completamente el pellet agitando a mano
16. Centrifugar por 10 minutos a 12700 rpm a 4 °C
17. Descartar el sobrenadante por decantación y dejar secar por 24 horas.
18. Añadir 100 μ L de TE hasta diluir el pellet, guardar y refrigerar a 4 °C.

2.9.2. Cuantificación de ADN extraído

a. Por espectrofotometría

El ADN puro y de calidad deberá tener un valor de la relación A260/A280 en los rangos de 1.8-2.0. Para ello se sigue este proceso:

1. Disolver el pellet de ADN extraído con 100 μ L de T10E1.
2. Se toma 1.5 μ L de T10E1 para blanquear el prisma y el mismo volumen de ADN disuelto para poder hacer la lectura en espectrofotometría. Homogenizar mediante vortex cada muestra antes de hacer lectura.
3. Finalmente se realiza la lectura correspondiente de la concentración de ADN en ng/ μ L.

b. Por densitometría

Para evaluar la cantidad y calidad del ADN mediante electroforesis mediante foto documentación, las bandas deben ser bien nítidas e integras sin presencia de smirs (arrastres). Se uso el siguiente protocolo:

1. Preparar gel de Agarosa al 2% en TBE(Tris-Borato-EDTA) 1X con 2 μ L de BrEt (Bromuro de etilo) y disolver en microondas.
2. Verter la solución en una bandeja con un peine para formar los pocillos. Esperar que gel se solidifique.
3. Mezcla las muestras de ADN con el Mix de corrida.
4. Cargar las muestras de ADN en cada pocillo y el marcador de peso molecular.
5. Conectar los electrodos. Correr el gel a 90 V por 1 hora.
6. Observar en foto documentación UV con el programa Bio Doc Analayzer.

2.9.3. Pre Reacción en cadena polimerasa (PCR)

a. Estandarización de la concentración de ADN

Se homogenizo ADN a una concentración de 90 ng/ μ L con agua libre de nucleasas (NFW) utilizando las lecturas del espectrofotómetro.

b. Preparación de Master Mix

Los componentes de amplificación para PCR, contiene Mgcl₂, dNTPs, Taq polimerasa en las proporciones como se indica en la Tabla 2.5.

Tabla 2.5

Master Mix o componentes de amplificación de PCR para 11 reacciones basado en recomendaciones de Zhang et al., 2017

	[] °	[] f	Volumen	
			1Rx(uL)	11RX
NFW	--	--	10.8	119
Buffer	5X	1x	5	55
Mgcl2	25uM	2.5mM	2.5	27.5
dNTPs	10uM	0.25mM	2.5	27.5
Forwards	100uM	1mM	1	11
Reverse	10uM	1mM	1	11
Taq polimerasa	5U/ µL	0.5U	0.2	2.2
ADN	x	50ng/ µL	2	
Volumen final			25	

Nota. El Forward y Reverse fueron tomados de los antecedentes de (Zhang et al., 2017) . 1Rx: 1 reacción, 11 Rx: 11 reacciones.

Se utilizó primers para marcadores InDel dimórficos (JAAS14, JAAS67) desarrollados por (Zhang et al., 2017) cuyas secuencias de DNA (Tabla 2.6)

Tabla 2.6

Características de las secuencias nucleotídicas de los primers dirigidos a marcadores InDel (Zhang et al., 2017)

Primer Name	Primer sequence		Maximum	Minimum	BLAST Lenght
	Forward	Reverse			
JAAS14	5'CAACTCGAACAAC CCTAAACTGC 3'	5'ACCACTACCACCA CCAACCTTCC3'	206	150	
JAAS67	5'TGCTGACGCTGAA TCCTGAGAC3'	5'GGTAGATTTCGGG CTTCGAGTTG3'	288	188	188

2.9.4. Reacción en cadena de polimerasa (PCR)

El perfil térmico para la amplificación de los primers para marcadores InDel (JAAS 14 y JAAS67) fueron los siguientes:

a. Teniendo referencia a Zhang (2017)

Temperatura inicial previo a la desnaturalización a 95 °C durante 3 minutos. 38 ciclos de 95 °C por 40 s (Desnaturalización), gradiente de temperatura 52.9 – 63 °C por 40 s (Annealing), 72 °C por 40 s (Extensión); y 72 °C durante 5 minutos (Extensión final). Se realizó en termociclador DLAB TC 1000-G.

Tabla 2.7*Programa de amplificación para el marcador InDel*

Programa de amplificación de marcador InDel			
1 ciclo	Desnaturalización inicial	95 ° C	3 min
36 ciclos	Desnaturalización	95 ° C	40 s
	Alineamiento	52.9° - 63 °C	40 s
	Extensión	72 ° C	40 s
	Extensión final	72 ° C	5 min

Finalmente se realizó el escoreado de las bandas de ADN con los marcadores InDel en forma cualitativa (presencia o ausencia) en cada accesión de quinua mediante electroforesis en gel de agarosa al 3% durante 40 minutos a 120 V.

CAPÍTULO III

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

3.1. Análisis de caracteres morfológicos cualitativos

3.1.1. Frecuencias de caracteres cualitativos de la planta

a. Caracterización vegetativa de la planta de *Chenopodium quinoa* W.

La caracterización de evaluación después de la emergencia, se encontraron densidades de planta escasa en 22.92% de accesiones; intermedia, 42.36% y alta en 34.03% de accesiones (Tabla 3.1 y Figura 3.1). Asimismo, se evaluó el tipo de crecimiento herbáceo y arbustivo, donde se encontraron frecuencias de 56.94% y 43.06%, respectivamente (Tabla 3.1 y Figura 3.1). Las frecuencias del hábito de crecimiento de las plantas de accesiones se distribuyen en: simple, el 81.25%, ramificado hasta el tercio inferior, 3.47%; ramificado hasta el segundo tercio, 14.58% y ramificado con panoja principal no definida, 0.69% (Tabla 3.1 y Figura 3.1).

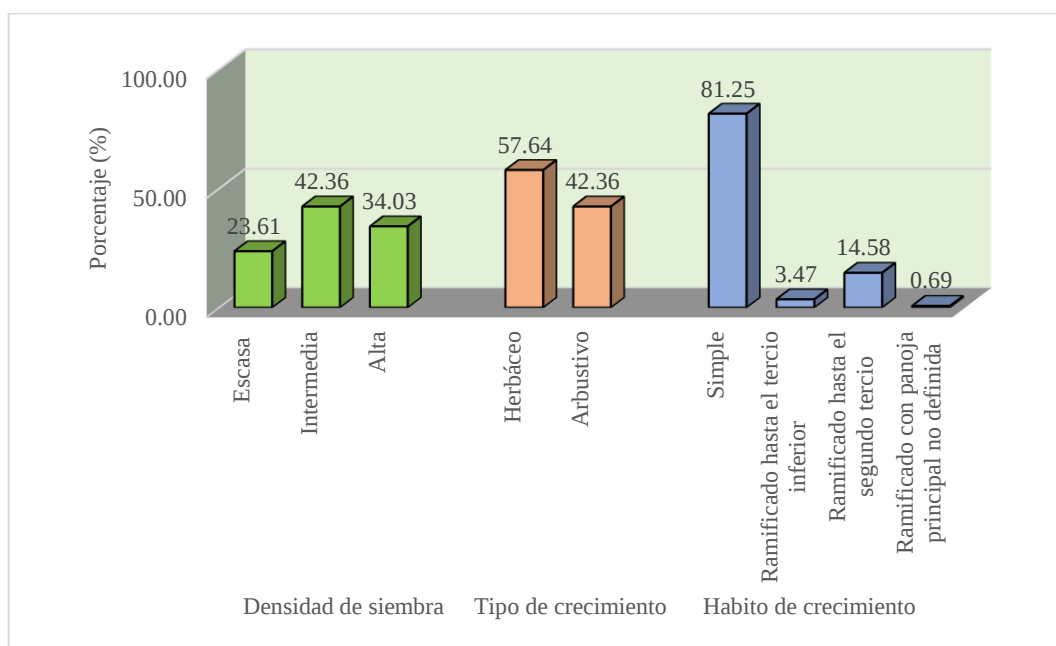
Tabla 3.1

Distribución de frecuencias de descriptores de la planta en 144 accesiones de quinua

Densidad de plantas		Cant.	%
3	Escasa	33	22.92
5	Intermedia	61	42.36
7	Alta	50	34.72
		144	100
Tipo de crecimiento		Cant.	%
1	Herbáceo	82	56.94
2	Arbustivo	62	43.06
		144	100
Hábito de crecimiento		Cant.	%
1	Simple	117	81.25
2	Ramificado hasta el tercio inferior	5	3.47
3	Ramificado hasta el segundo tercio	21	14.58
4	Ramificado con panoja principal no definida	1	0.69
		144	100.0

Figura 3.1

Distribución de frecuencias de densidad de siembra en las 144 accesiones de quinua



En el trabajo de investigación se realizó la instalación de riego por goteo a fin de garantizar emergencia uniforme, la cual depende de las precipitaciones pluviales y del tiempo de la siembra, que van desde 80 – 85% de germinación (Mina, 2018). Previo a la instalación en campo, se llevó a cabo una prueba de germinación para saber que accesiones aún están viables y los porcentajes estuvieron en un rango de 35%-98%.

La quinua es una planta herbácea anual de dos cotiledones, que por lo general crece de manera erecta y puede alcanzar una altura de entre 100 y 300 cm, según las condiciones geográficas y su genotipo (Gonzáles et al., 2015).

La planta de quinua puede ser ramificada o no ramificada, según la variedad y la densidad de siembra. (Patiranage et al., 2022).

Con resultados similares a Huayta et al. (2021) realizado en Puno a 3600 msnm; en donde el 46% del total de las accesiones presentaron el hábito de crecimiento simple, 34% ramificadas hasta el segundo tercio y el 18% con ramificación hasta el tercio inferior y 2 % con ramificación de panoja principal no definida.

b. Caracterización del tallo de *Chenopodium quinoa* W.

Forma del tallo principal: Luego de la evaluación se encontró 55.94% de accesiones con tallo cilíndrico, 44.06% con tallo anguloso (Tabla 3.2 y Figura 3.3).

Color del tallo principal: De las 144 accesiones, se encontraron que el 50.0% tienen coloración amarilla; seguido por coloraciones verde y púrpura, 17.36 y 15.28%, respectivamente (Tabla 3.2 y Figura 3.2).

Forma del tallo principal: Luego de la evaluación se encontró 55.94% de accesiones con tallo cilíndrico, 44.06% con tallo anguloso (Tabla 3.2 y Figura 3.2).

Presencia de axilas pigmentadas: Se encontró que el 98.61% de las accesiones poseen axilas pigmentadas y el 1.39% no lo poseen (Tabla 3.2 y Figura 3.3).

Presencia de estrías: Se encontró que, el 98.61% de las accesiones tienen estrías en el tallo y el 1.39% no lo poseen (Tabla 3.2 y Figura 3.3).

Color de las estrías: El 52.08% de las accesiones de quinua presentan estrías de coloración verde; púrpura, 40.97%; rojas, 6.25% y amarillas, el 0.69% (Tabla 3.2 y Figura 3.3).

El color de tallo predominante es el amarillo en un (51.00%) del total de plantas caracterizadas, seguido por el verde (23.40%) púrpura y rosado (Rojas, 2021)

Mujica y Jacobsen (2006) mencionan que la quinua tiene un tallo erecto, cilíndrico hacia el cuello de la planta y anguloso a partir de las ramificaciones.

Tabla 3.2

Distribución de frecuencias de descriptores del tallo de las 144 accesiones de quinua

Forma del tallo principal			Presencia de axilas pigmentadas		
	Cant.	%		Cant.	%
1 Cilíndrico	80	55.94	0 Ausentes	2	1.39
2 Anguloso	63	44.06	1 Presentes	142	98.61
	143	100.0	2 No determinadas	0	0.00
				144	100
Color del tallo principal			Presencia de estrías		
	Cant.	%		Cant.	%
1 Blanco	8	5.56	0 Ausentes	2	1.39
2 Púrpura	22	15.28	1 Presentes	142	98.61
3 Rojo	4	2.78		144	100
4 Rosado	12	8.33	Color de las estrías		
5 Amarillo	72	50.00		Cant.	%
6 Anaranjado	1	0.69	1 Verdes	75	52.08
7 Marrón	0	0.00	2 Amarillas	1	0.69
8 Gris	0	0.00	3 Rojas	9	6.25
9 Negro	0	0.00	4 Púrpura	59	40.97
10 Verde	25	17.36	99 otro	0	0.00
99 Otro	0	0.00		144	100
	144	100			

Figura 3.2

Distribución de frecuencias de forma y color del tallo principal de quinua

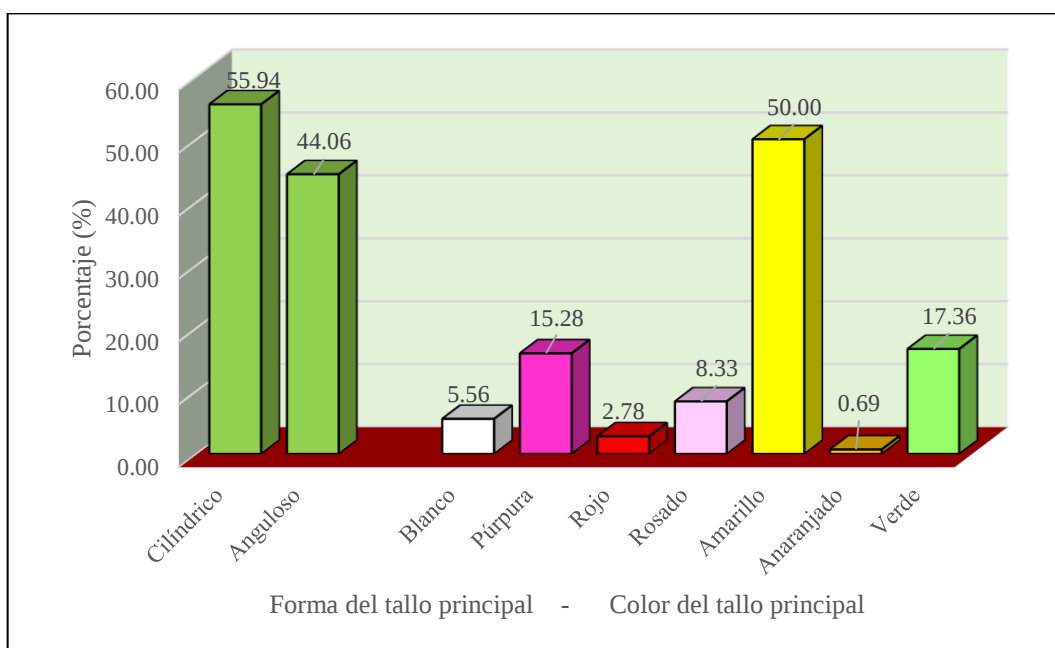
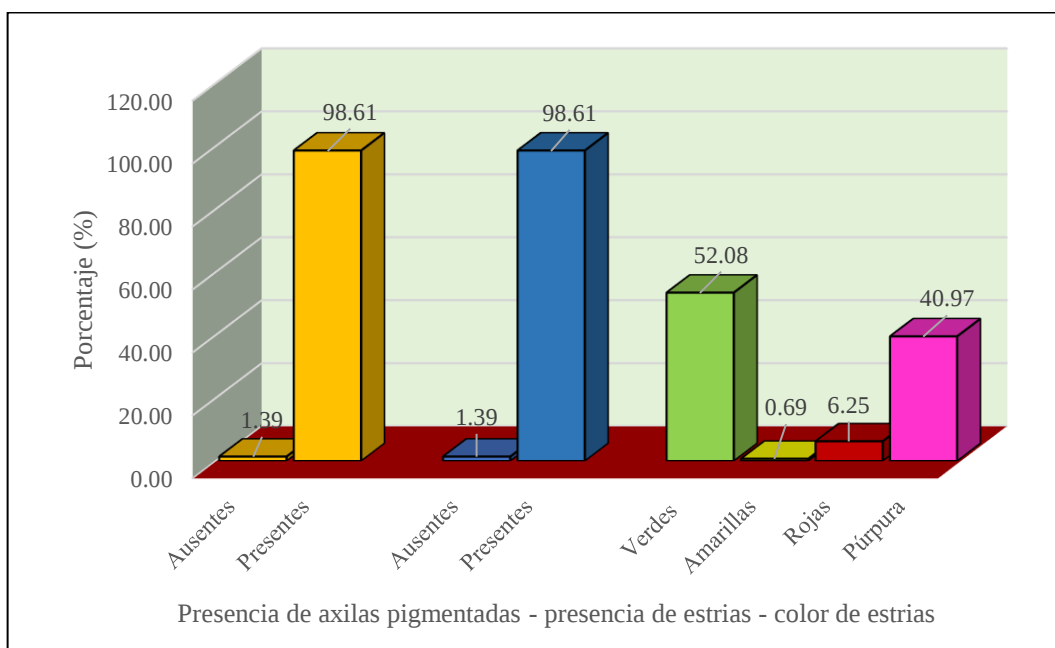


Figura 3.3

Distribución de frecuencias de axilas pigmentadas, presencia de estrías y color de quinua



c. Caracterización de ramificación de *Chenopodium quinoa* W.

Presencia de ramificación: Se encontraron que, el 96.53% de las accesiones de quinua no presentan ramificación, solo el 3.47% tienen ramificación presente (Tabla 3.3 y Figura 3.4).

Posición de las ramas primarias: Se determinó que en el 91.67% accesiones de quinua las ramas primarias salen oblicuamente del tallo principal; mientras, en 8.66% de las accesiones salen de la base con una cierta curvatura (Tabla 3.3 y Figura 3.4).

León (2020) reportó que el 100% de las accesiones que caracterizó, presentaba ramas que salían oblicuamente del tallo principal.

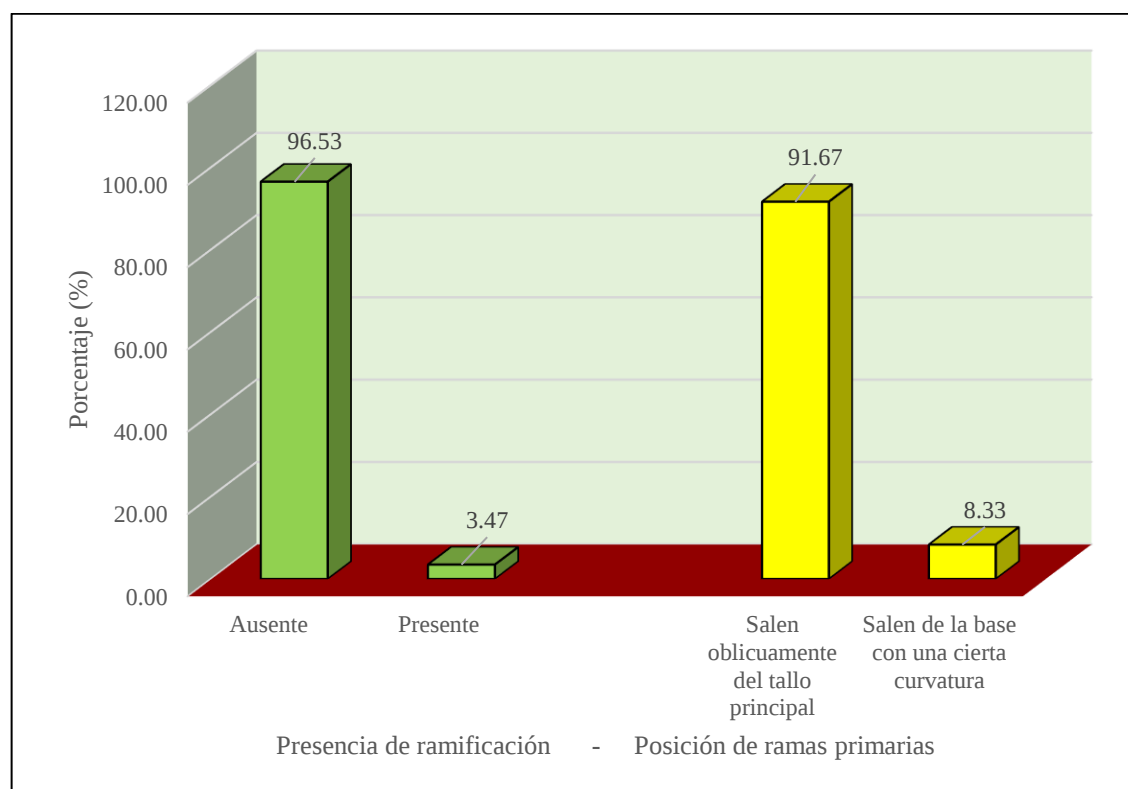
Tabla 3.3

Distribución de frecuencias de descriptores de ramificación de las 144 accesiones de quinua.

Presencia de ramificación		Cant.	%
0	Ausente	139	96.53
1	Presente	5	3.47
		144	100
Posición de las ramas primarias		Cant.	%
1	Salen oblicuamente del tallo principal	132	91.67
2	Salen de la base con una cierta curvatura	12	8.33
		144	100

Figura 3.4

Distribución de frecuencias de presencia de ramificación y posición de ramas primarias de quinua



d. Caracterización de hoja de *Chenopodium quinoa* W.

Forma de la hoja: se evaluó cuando las plantas estuvieron en plena floración, y se encontró que el 61.11% de las accesiones de quinua tienen hoja forma triangular; 38.89%, romboidal (Tabla 3.4 y Figura 3.5).

Margen de la hoja: se encontraron 75.0% de las accesiones de quinua con borde dentado; 15.28%, aserrado y el 9.72% con borde entero (Tabla 3.4 y Figura 3.5).

Color del pecíolo: se encontraron al 77.08% de accesiones con pecíolo de color verde; 16.67%, verde – Rojo (estriado/variegado) y el 6.25% de color rojo (Tabla 3.4 y Figura 3.5).

Color de la lámina foliar: se encontraron lámina foliar de coloración verde en 76.39% de accesiones; verde – Rojo (estriado/variegado), 23.61% (Tabla 3.4 y Figura 3.6).

Color de papilas s en las hojas: se encontraron ausencia de gránulos en 45.14% de accesiones de quinua; blanco, 29.17%; púrpura, 23.61% y rojo, en 2.08% (Tabla 3.4 y Figura 3.6).

Tabla 3.4

Distribución de frecuencias de descriptores de hoja de las 144 accesiones de quinua

Forma de hoja	Cant.	%
1 Romboidal	56	38.89
2 Triangular	88	61.11
	144	100
Margen (borde) de la hoja	Cant.	%
1 Entero	14	9.72
2 Dentado	108	75.00
3 Aserrado	22	15.28
	144	100
Color del pecíolo	Cant.	%
1 Verde	111	77.08
2 Verde – Rojo (estriado/variegado)	24	16.67
3 Rojo	9	6.25
	144	100
Color de la lámina foliar	Cant.	%
1 Verde	110	76.39
2 Verde – Rojo (estriado/variegado)	34	23.61
3 Rojo	0	0.00
	144	100
Color de papilas en las hojas	Cant.	%

0	Ausente	65	45.14
1	Blanco	42	29.17
2	Blanco – Rojo (estriado/variegado)	0	0.00
3	Púrpura	34	23.61
4	Rojo	3	2.08
		144	100

Figura 3.5

Distribución de frecuencias de forma, margen y color de peciolo de la hoja de quinua

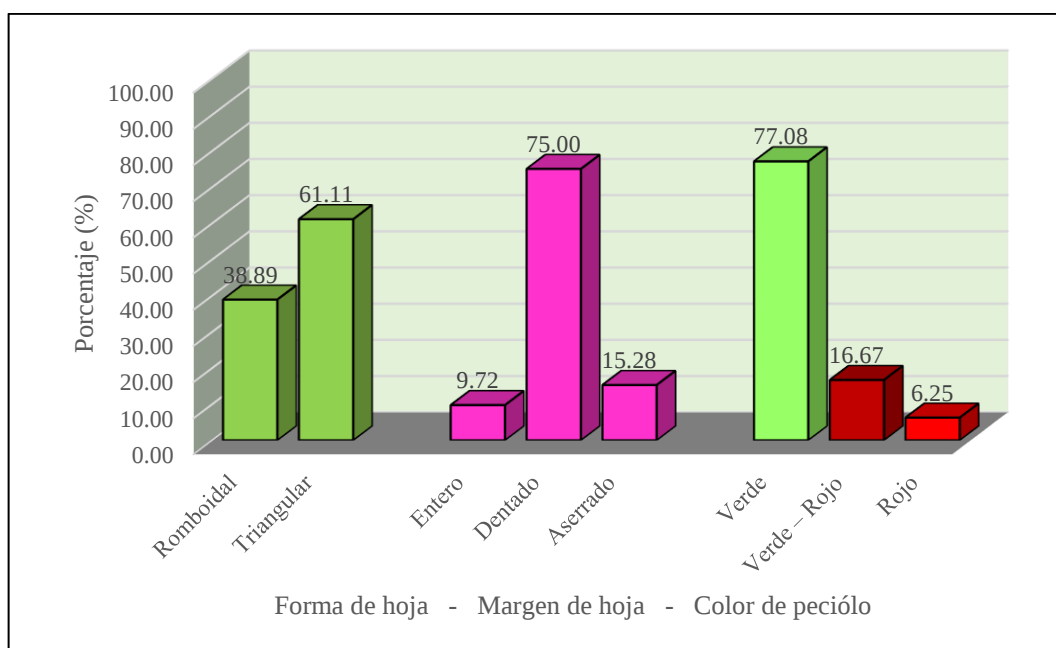
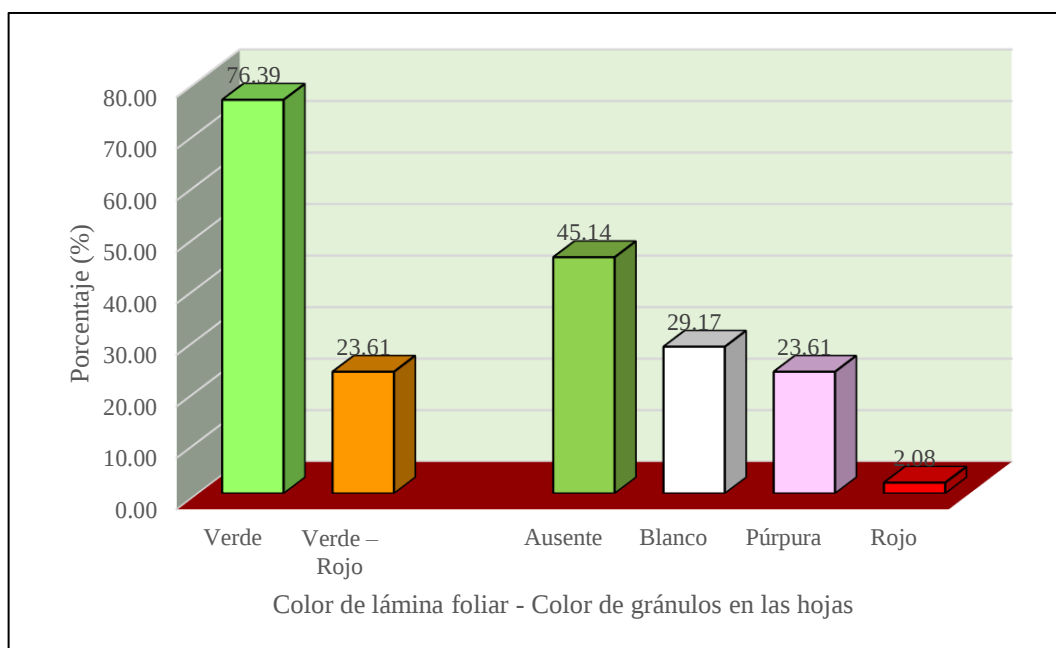


Figura 3.6

Distribución de frecuencias de color de lámina foliar y color de gránulos en hojas de quinua



e. Caracterización de la inflorescencia

Presencia de androesterilidad: se encontró ausencia de androesterilidad en 89.58% de accesiones de quinua; mientras, en 10.42% con presencia (Tabla 3.5).

Color de la panoja en la floración: se encontró panoja de color verde en 49.31% de las accesiones; púrpura, 38.19%; rojo, 9.03% y mixtura, en 3.47% (Tabla 3.5).

Color de panoja a la madurez: se encontraron panojas de color amarillo con mayor predominancia en 27.08% de accesiones; anaranjado, 12.50%; blanco, 12.50%; roja rosado, 11.81% (Tabla 3.5 y Figura 3.7).

Forma de la panoja: Se encontraron panoja con forma glomerulada en 68.75% de las accesiones, forma intermedia en 15.97% y forma amarantiforme en 15.28% (Tabla 3.5).

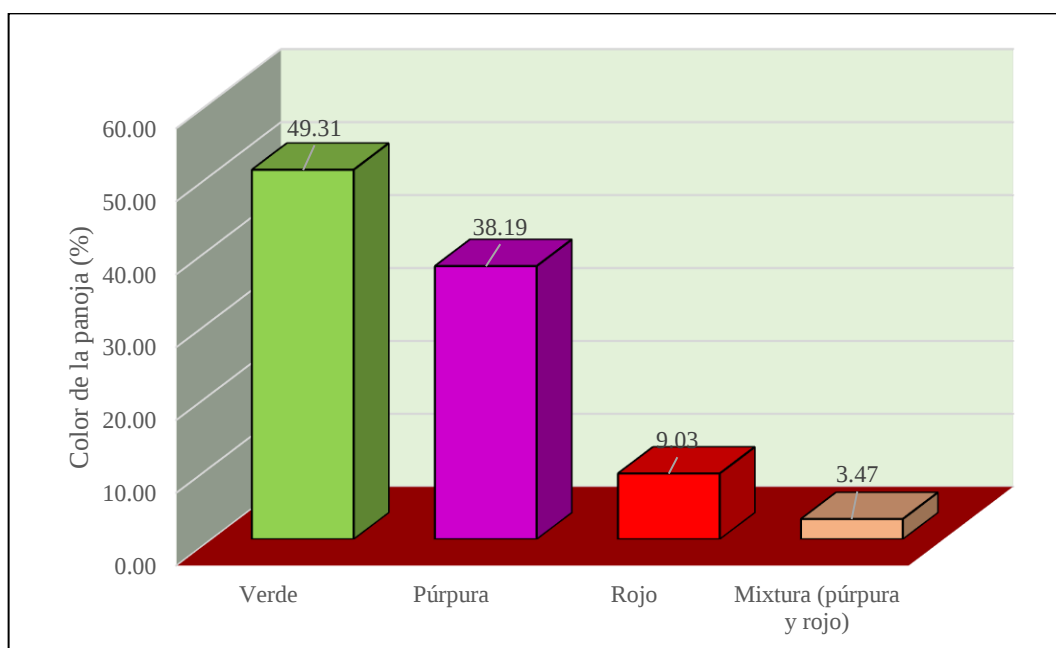
Densidad de la panoja: Se encontraron densidad de panoja tipo intermedia en 47.92% de las accesiones, laxa en 31.94% y compacta, en 20.14% (Tabla 3.5).

Tabla 3.5*Distribución de frecuencias de descriptores de inflorescencia de las 144 accesiones de quinua*

Presencia de androesterilidad		Cant.	%
0	Ausente (sobre crecimiento del estigma)	129	89.58
1	Presente (ausencia de anteras)	15	10.42
		144	100
Color de la panoja en la floración		Cant.	%
1	Verde	71	49.31
2	Púrpura	55	38.19
3	Rojo	13	9.03
4	Mixtura (púrpura y rojo)	5	3.47
		144	100
Color de la panoja en la madurez fisiológica		Cant.	%
1	Blanco	18	12.50
2	Púrpura	14	9.72
3	Rojo	3	2.08
4	Rosado	11	7.64
5	Amarillo	39	27.08
6	Anaranjado	18	12.50
7	Marrón	13	9.03
8	Gris	2	1.39
9	Negro	0	0.00
10	Rojo y blanco	3	2.08
11	Rojo y rosado	17	11.81
12	Rojo y amarillo	5	3.47
13	Verde	0	0.00
14	Rojo y verde	1	0.69
99	Otros	0	0.00
		144	100
Forma de la panoja		Cant.	%
1	Glomerulada	99	68.75
2	Intermedia	23	15.97
3	Amarantiforme	22	15.28
		144	100
Densidad de la panoja		Cant.	%
1	Laxa	46	31.94
2	Intermedia	69	47.92
3	Compacta	29	20.14
		144	100

Figura 3.7

Distribución de frecuencias de color de la panoja a la floración de las 144 accesiones de quinua



Los resultados obtenidos por Mayta (2021), León (2020) y Peterson et al. (2015) los cuales son comparables con los hallazgos de este estudio, mostrando una cercanía significativa, la forma glomerulada de la panoja domina sobre la amarantiforme a nivel nacional, con presencia de androesterilidad (20%) lo cual se puede presentar por las temperaturas frías que inducen a la androesterilidad temporal en algunos ecotipos y variedades. Sin embargo, la fertilidad masculina domina sobre la androesterilidad en donde las flores son sésiles, del mismo color que los sépalos y pueden ser hermafroditas, pistiladas o androestériles.

Esta concordancia sugiere que nuestras metodologías y enfoques conducen a conclusiones similares, lo que refuerza la validez de los resultados presentados.

f. Caracterización de granos de *Chenopodium quinoa* W.

Grado de dehiscencia: se encontraron con dehiscencia ligera a granos en 52.78% de las accesiones; regular, 35.42% y fuerte en 11.81% (Tabla 3.6 y Figura 3.9).

Aspecto de perigonio: se encontraron perigonio semiabierto en 72.22% de las accesiones; mientras, cerrada en 27.28% de accesiones (Tabla 3.6).

Color del perigonio: con mayor predominancia, se encontraron perigonio de color crema, 27.28%; rosado, 21.53%; café claro, 12.5% (Tabla 3.6).

Aspecto de pericarpio: en 77.78% de las accesiones se encontraron pericarpio tipo sucroso; mientras, en 22.22% de tipo cenizo (Tabla 3.6).

Color de pericarpio: Con mayor predominancia, se encontró pericarpio de color crema en 41.67% de las accesiones; color amarillo en 18.06% y amarillo dorado en 18.75% de accesiones.

Apariencia de epispermo: en 77.08% de las accesiones se encontraron aspecto opaco de episperma y vítreo en 22.92% de accesiones.

Color de episperma: con mayor predominancia, se encontraron episperma de color blanco en 47.92% de las accesiones; crema, 27.08%; transparente en 5.55% de accesiones.

Forma del grano: se encontraron forma lenticular en 10.42% de las accesiones; cilíndrico, 53.47%; elipsoidal, 36.11% (Tabla 3.7 y Figura 3.10).

Alfaro (2013) y León (2020) quienes realizaron trabajos en las condiciones de Canaán encontraron frecuencia de color de pericarpio amarillo como dominante, forma cilíndrica en un 95 % y color más común de la episperma fue el blanco.

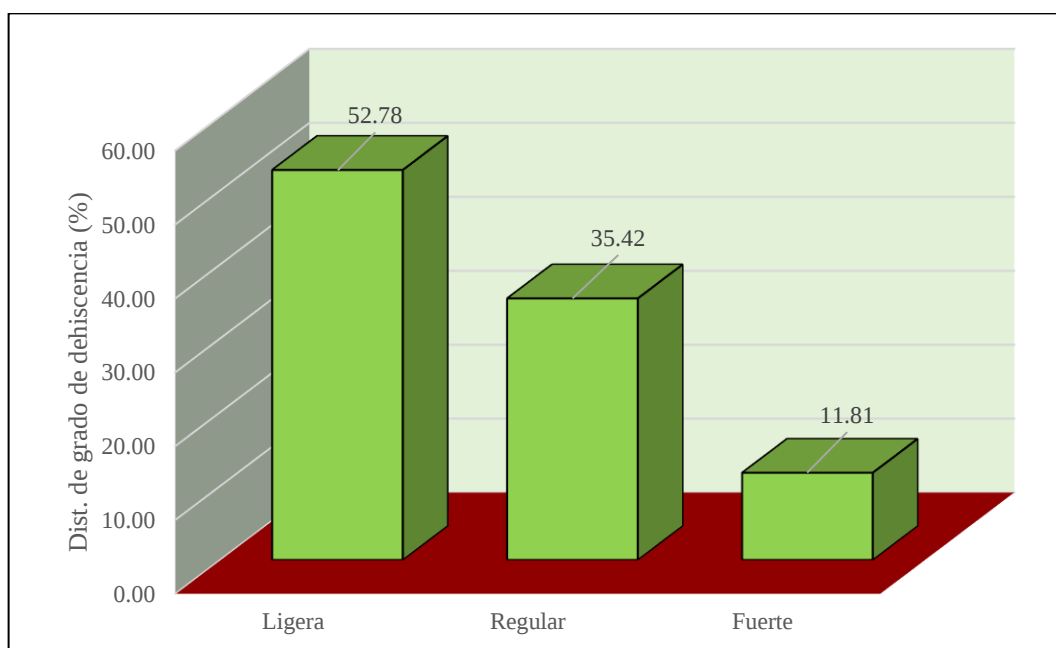
Tabla 3.6

Distribución de frecuencias de descriptores de grano de las 144 accesiones de quinua

Grado de dehiscencia		Cant.	%
1	Ligera	76	52.78
2	Regular	51	35.42
3	Fuerte	17	11.81
		144	100.0
Aspecto del perigonio		Cant.	%
1	Semiabierta	104	72.22
2	Cerrada	40	27.78
		144	100
Color del perigonio		Cant.	%
1	Verde	4	2.778
2	Blanco	12	8.333
3	Crema	40	27.78
4	Amarillo	14	9.722
5	Amarillo dorado	4	2.778
6	Rosado	31	21.53
7	Rojo	1	0.694
8	Anaranjado	4	2.778
9	Café claro	18	12.5
10	Café	5	3.472
11	Café oscuro	3	2.083
12	Café rojizo	2	1.389
13	Púrpura	5	3.472
14	Gris	1	0.694
15	Negro	0	0
99	Otro	0	0
		144	100
Aspecto del pericarpio		Cant.	%
1	Cenizo	32	22.22
2	Sucroso (acaramelado)	112	77.78
		144	100

Figura 3.8

Distribución de frecuencias de grado de dehiscencia de las 144 accesiones de quinua

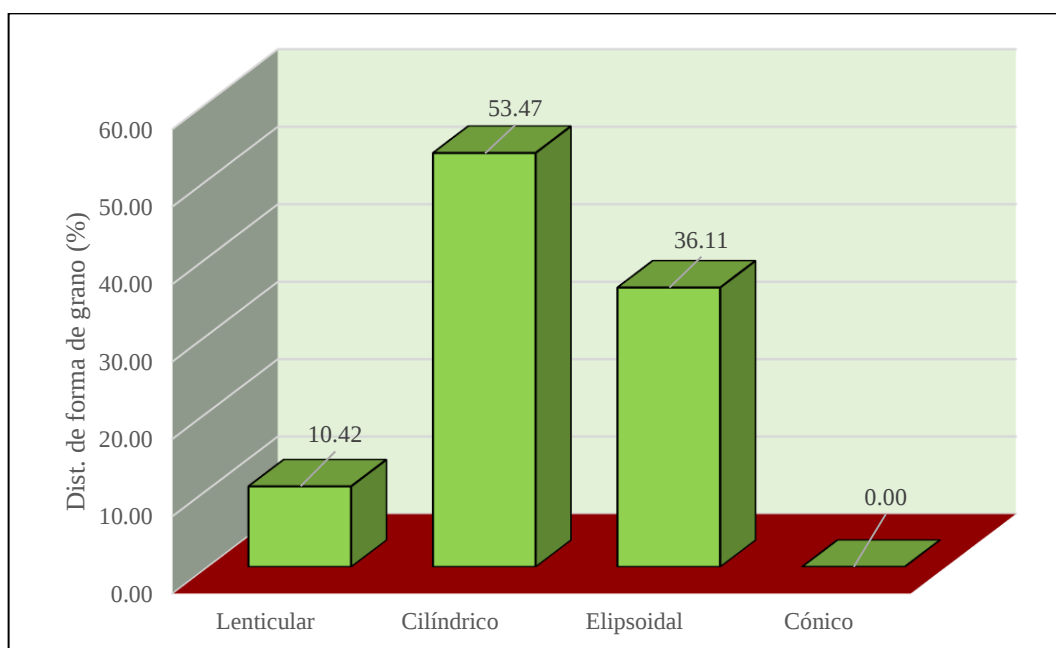
**Tabla 3.7**

Distribución de frecuencias de descriptores de grano de las 144 accesiones de quinua

Color de pericarpio		Cant.	%
1	Crema	60	41.67
2	Amarillo	26	18.06
3	Amarillo dorado	27	18.75
4	Rosado	1	0.694
5	Rojo	1	0.694
6	Café claro	6	4.167
7	Café	5	3.472
8	Café oscuro	1	0.694
9	Café verdoso	5	3.472
10	Púrpura	8	5.556
99	Otro	4	2.778
		144	100
Apariencia de la episperma		Cant.	%
1	Vítreo (translúcido hialino)	33	22.92
2	Opaco	111	77.08
		144	100
Color de episperma		Cant.	%
1	Transparente	8	5.56
2	Blanco	69	47.92
3	Crema	39	27.08
4	Café claro	6	4.17
5	Café	3	2.08
6	Café oscuro	4	2.78
7	Café rojizo	8	5.56
8	Negro	7	4.86
99	Otro	0	.00
		144	100
Forma del grano		Cant.	%
1	Lenticular	15	10.42
2	Cilíndrico	77	53.47
3	Elipsoidal	52	36.11
4	Cónico	0	0.00
		144	100

Figura 3.9

Distribución de frecuencias de forma de grano de las 144 accesiones de quinua



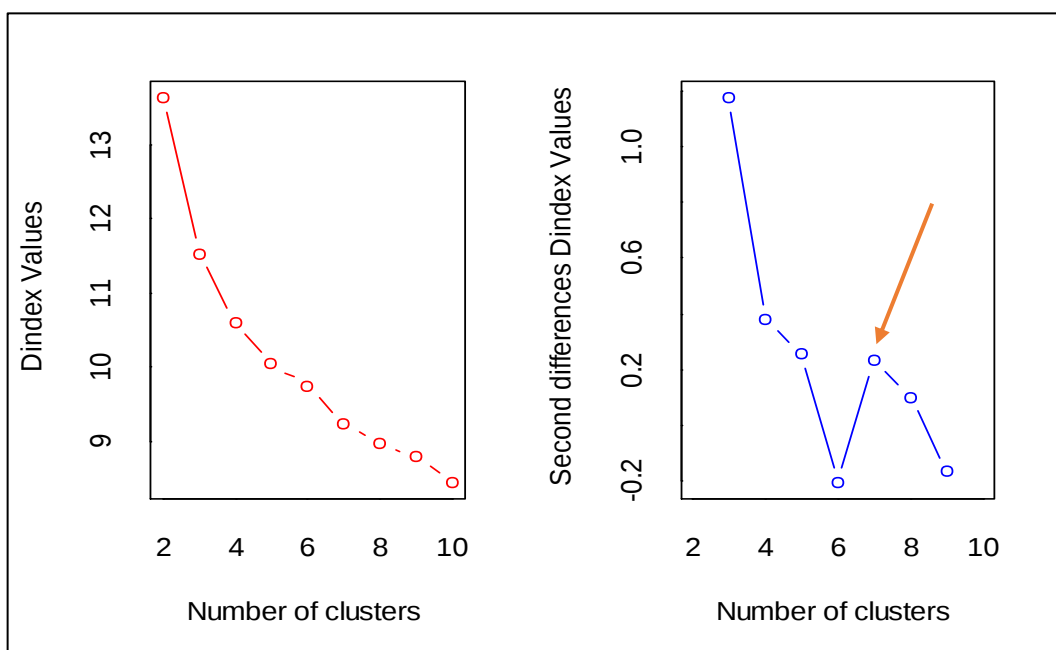
3.1.2. Análisis global de agrupamiento clúster

a. Determinación de número óptimo de agrupamiento

Se trabajó con 35 descriptores para *Chenopodium quinoa* y parientes silvestres los cuales fueron consolidados y ordenado en una matriz (Anexo 3) de tal forma se elaboró un clúster jerárquico. En la Figura 3.10 se muestra índice de Hubert para la determinación de número óptimo de agrupamiento clúster o dendograma; el cual es un método gráfico, indica que el número óptimo de clúster es el pico más alto significativo (forma de rodilla). Del gráfico deducimos que el pico más alto se ubica en el punto 7 (figura azul derecho); esto significa que se puede tomar este punto de referencia como número adecuado de subgrupos. En este trabajo de investigación se formó clúster de 7 grupos a partir de los datos cualitativos y cuantitativos de las 144 accesiones de quinua (*Chenopodium quinoa* W.), esto con la finalidad de visualizar con más detalle los agrupamientos. En el descriptor 10 (fase fenológica), las letras se reemplazaron con número arábigos, con la finalidad de facilitar el análisis multivariado (grano pastoso (GP): 1 y madurez fisiológica (MF): 2.

Figura 3.10

Índice de Hubert para determinación de número óptimo de agrupamiento clúster



En el dendograma de la Figura 3.11 se muestra el clúster jerárquico de las 144 accesiones de quinua, el cual ha sido construido mediante el método Ward con distancias euclidianas entre las accesiones. Las accesiones fueron caracterizadas utilizando 35 descriptores morfológicos (6 descriptores cuantitativos y 29 cualitativos), los cuales fueron aprobadas y publicadas por Bioversity International y FAO (Organización de las Naciones Unidas para la Alimentación y la Agricultura). La codificación de las accesiones varía de 1 – 300, debido a que estos anteriormente fueron trabajados con esos mismos códigos en el germoplasma de Laboratorio de Genética y Biotecnología Vegetal (LGBV) – Ciencias Agrarias - UNSCH.

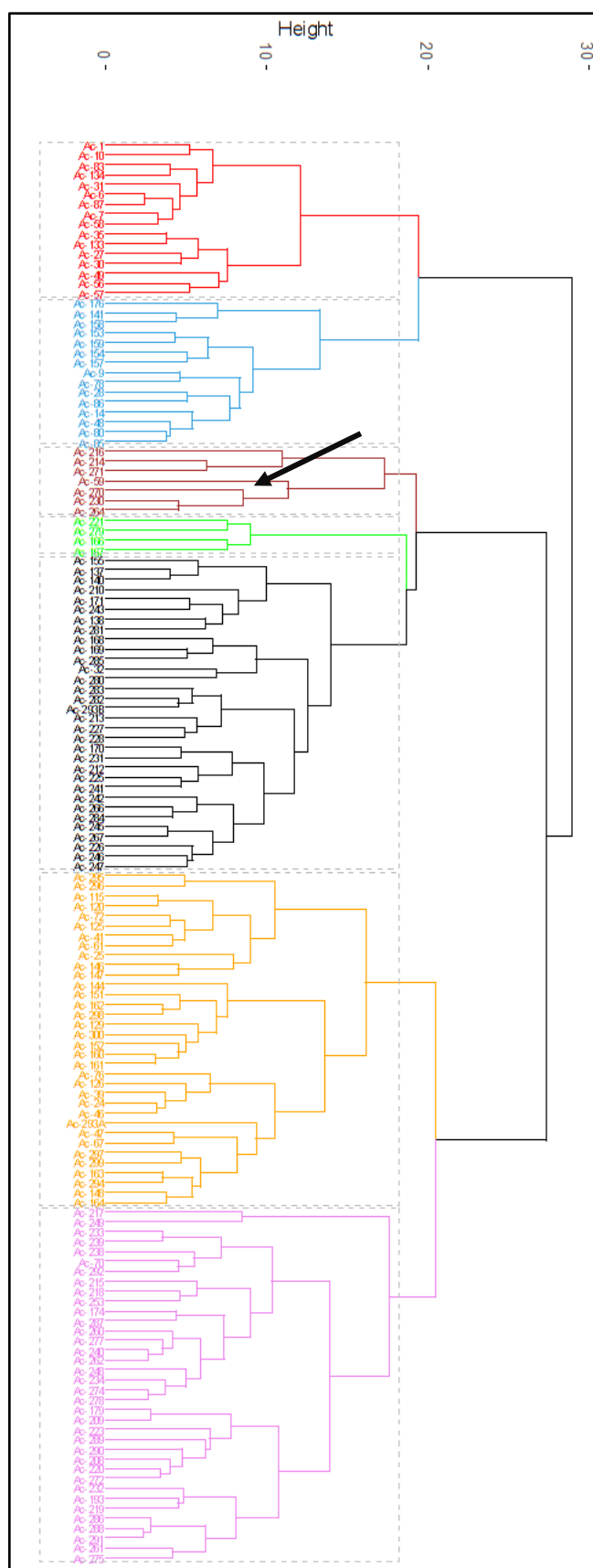
En el agrupamiento clúster (Figura 3.11) se logró formar 7 subgrupos con coeficiente de similitud de 18.0%. En el primer subgrupo (color rojo) están agrupados 16 accesiones; segundo, 15 accesiones; tercero, 7 accesiones; cuarto, 4 accesiones; quinto, 32 accesiones; sexto, 34 accesiones y en el séptimo, 36 accesiones; en global haciendo un total de 144 accesiones. Las accesiones que están agrupadas en cada subgrupo, significan que entre ellos hay similitud morfológica, es decir, probablemente las distancias genéticas entre ellos son muy cercanas, por lo que logran formarse en un subgrupo en común. Mientras, entre los subgrupos distintos (colores distintos), las

distancias genéticas son más lejanas, por lo que la diferencia morfológica entre esos individuos es mucho mayor. Sin embargo, aquí no se agrupan todas por su lugar de mismo lugar de origen, lo que indica variabilidad de accesiones dentro de una región. Bhargava et al. (2007) mencionan que el hecho de la selección a través de los años por los agricultores, podrían explicar esta diversidad.

En este trabajo de investigación se utilizó como testigo a la quinua silvestre (*Chenopodium spp.*), esta accesión está codificado como “Acc-59”, formando parte del tercer subgrupo (color marrón) conjuntamente con las demás 7 accesiones. Esto indica que el testigo tiene similitud morfológica y cuantitativa con este subgrupo, más aún con las accesiones 270, 230 y 264. En el dendograma, también se puede ver otros pequeños grupos de accesiones que se alejan del resto, (221, 279, 166 y 167); por lo tanto, deducimos que estas accesiones comparten características cercanas en común.

Figura 3.11

Clúster jerárquico de las 144 accesiones de quinua (*Chenopodium quinoa* W.) construido a partir de los datos cualitativos y cuantitativos (35 descriptores)



Los resultados de Hong et al. (2019) muestran que dentro de la subfamilia Chenopodioideae, *C. quinoa* y sus parientes silvestres están estrechamente relacionadas, formando un grupo hermano con *Spinacia oleracea* (espinaca). Esta relación filogenética fue fuertemente apoyada por el análisis, indicando que estas especies comparten un ancestro común reciente dentro del grupo Chenopodioideae.

Mujica y Jacobsen (2006) mencionan que las especies silvestres han participado en la evolución de la quinua, por eso su gran tolerancia a la salinidad, por su resistencia a la sequía y a las heladas; que morfológicamente similar a la quinua tradicional.

Existen poblaciones silvestres y domesticadas de quinua bajo cultivo, lo que indica que las quinuas domesticadas generalmente van acompañadas de poblaciones silvestres en sus diversas áreas de distribución. Por lo tanto, la hibridación natural entre poblaciones silvestres y domesticadas probablemente ocurre fácilmente (Fuentes et al., 2009)

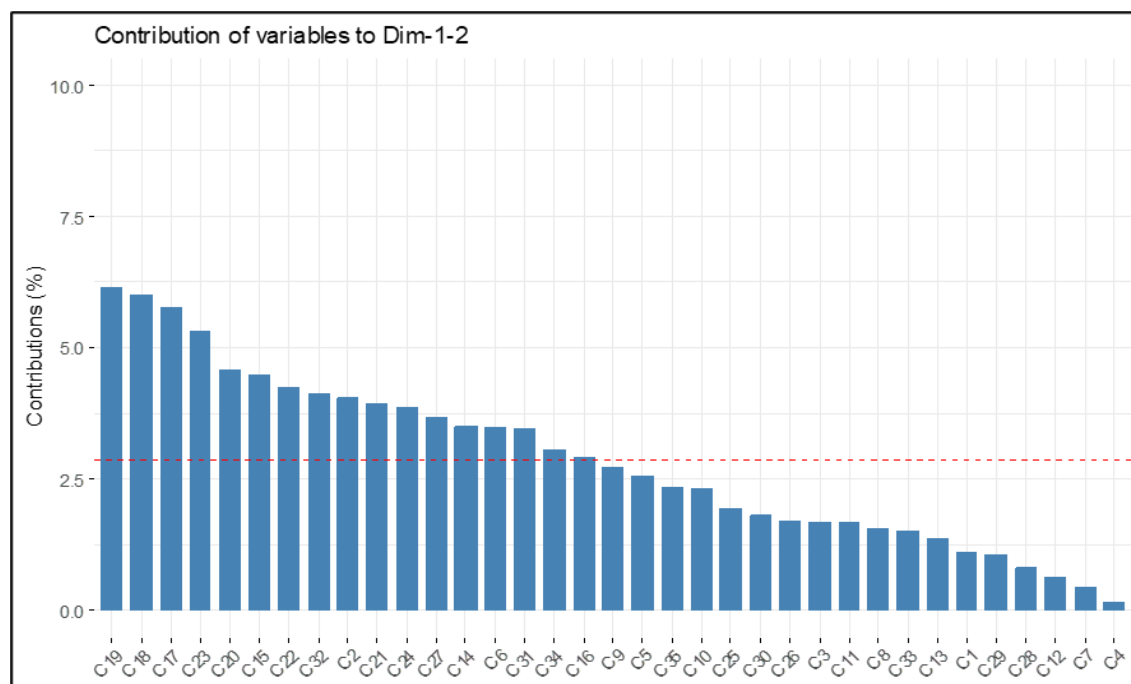
La mayor variabilidad en la quinua se encuentra en Perú y Bolivia, de acuerdo con la hipótesis de que la domesticación de la quinua tuvo lugar por primera vez en la región del altiplano andino (Murphy y Matanguihan, 2015).

3.1.3. Análisis de componentes principales

En la Figura 3.12 se muestra contribución de cada componente o descriptor en la variabilidad genética morfológica, donde cada componente se muestra en orden de mayor a menor según su grado de aporte en variabilidad morfológica. Los componentes C19 (Ancho máxima de la hoja), C18 (longitud máxima de la hoja) y C17 (Longitud del peciolo) contribuyeron más a la variabilidad morfológica; es decir, estas características mencionadas hacen que exista más variabilidad morfológica de accesiones. Por otra parte, se observa que los componentes C7 (Presencia de estrías) y C4 (Forma de tallo principal) aportaron muy poco en la variabilidad.

Figura 3.12

*Contribución a la variabilidad morfológica de los componentes principales o descriptores morfológicos de de *Chenopodium quinoa* W.*

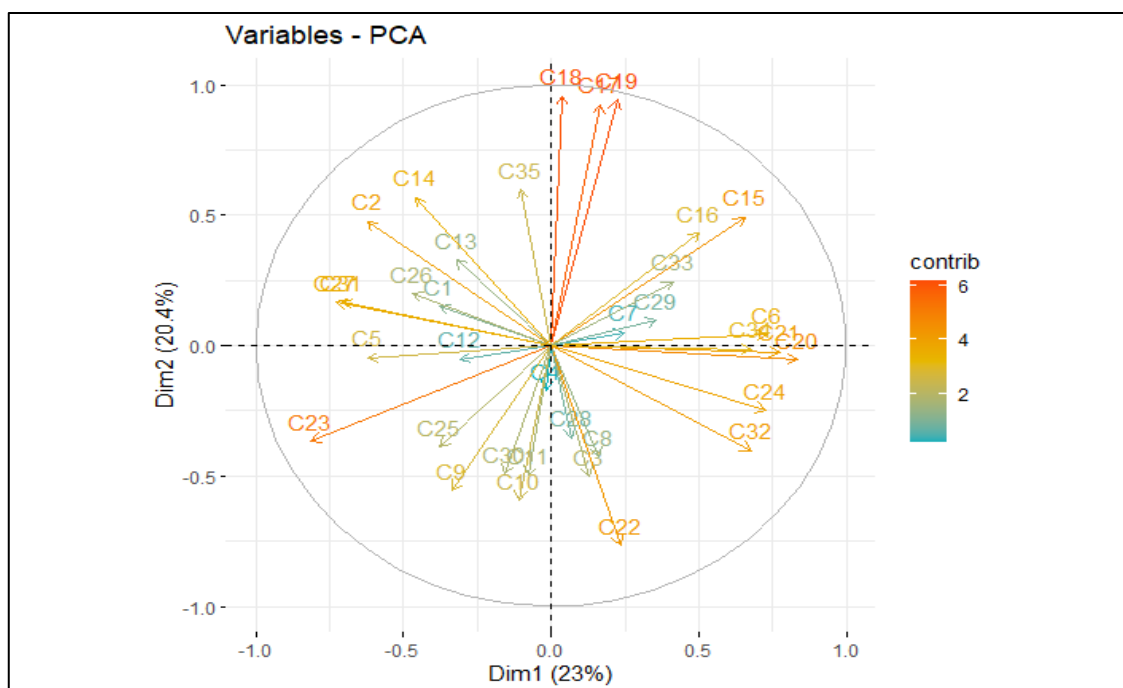


Nota. Cada uno de los 35 descriptores se analizó como un componente (C) principal que aporta en distintos grados a la variabilidad morfológica de las accesiones (Anexo 3).

En la figura 3.12 se muestra contribución a la variabilidad de los 35 componentes principales o descriptores morfológicos, asimismo, correlación indirecta de ellos. Esta figura muestra otro reflejo de la Figura 3.13, donde se puede diferenciar las contribuciones a la variabilidad de cada componente o descriptor morfológico según el gradiente de color, dependiendo de su grado de aporte. Los componentes (descriptores) que tienen mayor aporte se muestran de color rojo intenso con longitud de flechas más largas, mientras, los que tienen menor aporte se muestran de color celeste con flechas cortas. Las correlaciones entre los componentes se identifican de acuerdo el ángulo entre ellos, es decir, cuanto más agudo es el ángulo, la correlación también es alta y positiva. Esta figura explica el 43.4% de variabilidad.

Figura 3.13

Contribución a la variabilidad morfológica y correlación indirecta de los componentes principales o descriptores morfológicos de Chenopodium quinoa W.



Nota. Cada uno de los 35 descriptores se analizó como un componente (C) principal que aporta en distintos grados a la variabilidad morfológica de las accesiones (Anexo 2).

A diferencia a los resultados de Vergara et al. (2020), en donde menciona que para el cultivo de quinua es posible utilizar marcadores genéticos morfológicos con las conformaciones de los dientes o lóbulos de la hoja y su tonalidad, en cambio, la longitud de los pecíolos no son buenos marcadores debido a la baja variabilidad genética. Sin embargo, en este estudio la longitud del peciolo es buen marcador morfológico. Nuestros resultados estuvieron de acuerdo a lo observado por Castro et al. (2023) en donde concluyen que el diámetro de la panoja, longitud de la panoja, la longitud del peciolo, altura de la planta, el ancho de la hoja, el rendimiento, el color del tallo y el color de las estrías, muestran mayor variabilidad fenotípica.

Rojas (2021) menciona que, las variables que más contribuyeren en la formación de ACP fueron número de dientes, color de estrías, densidad de panoja, forma de hoja, forma de panojas entre otros por último color de pericarpio.

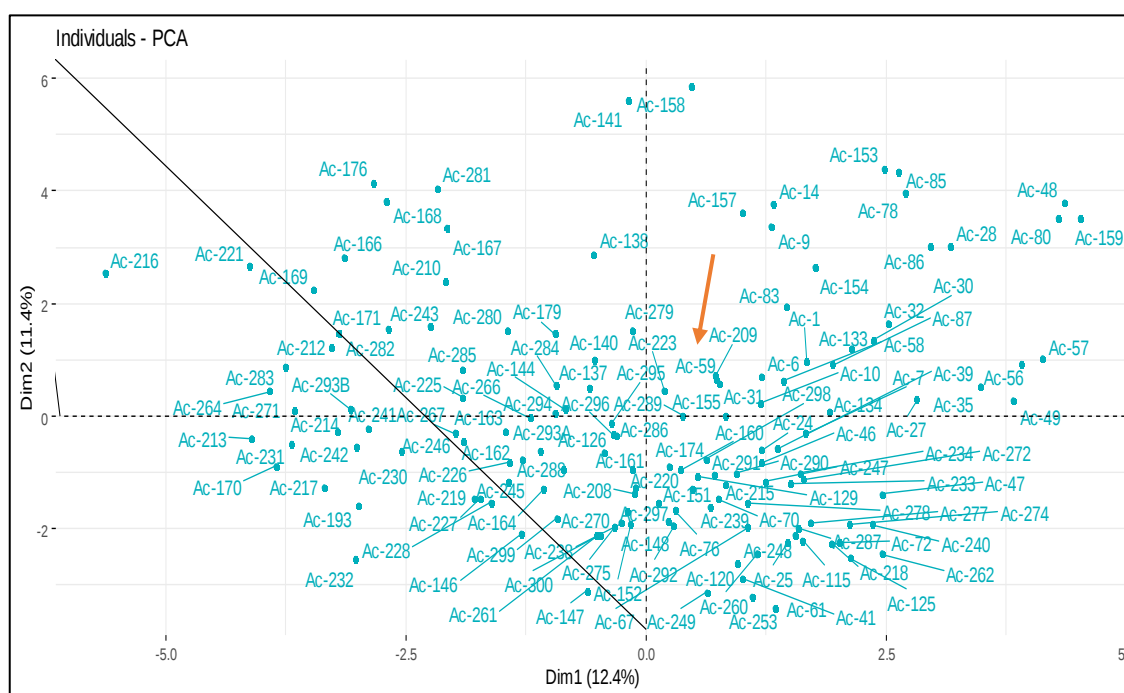
Las quinuas exhiben amplia diversidad genética, mostrando una gran variabilidad en color de planta, inflorescencia y semillas, tipo de inflorescencia y cristales de oxalato de calcio en las hojas (González et al., 2015)

3.1.4. Análisis de correspondencia

En la figura 3.15, se muestra distribución individual de las 144 accesiones de quinua en un plano bidimensional de acuerdo a sus 35 características (6 caracteres cuantitativas y 29 cualitativas). En la figura se muestra 4 cuadrantes, en cada uno de ellos hay un grupo de accesiones con ciertos caracteres similares; asimismo, las accesiones en este plano se agrupan de acuerdo a las distancias genéticas morfológicas. En este trabajo de investigación se utilizó una accesión silvestre de quinua (Acc – 59), el cual se muestra en el primer cuadrante en el plano, esto no se aleja completamente de las accesiones cultivadas, esto significa que la similitud morfológica es muy parecida a las accesiones cultivadas.

Figura 3.14

*Análisis de correspondencia de las 144 accesiones de quinua, de acuerdo a sus características morfológicas de *Chenopodium quinoa* W.*



3.1.5. Análisis de clúster por cada órgano vegetal

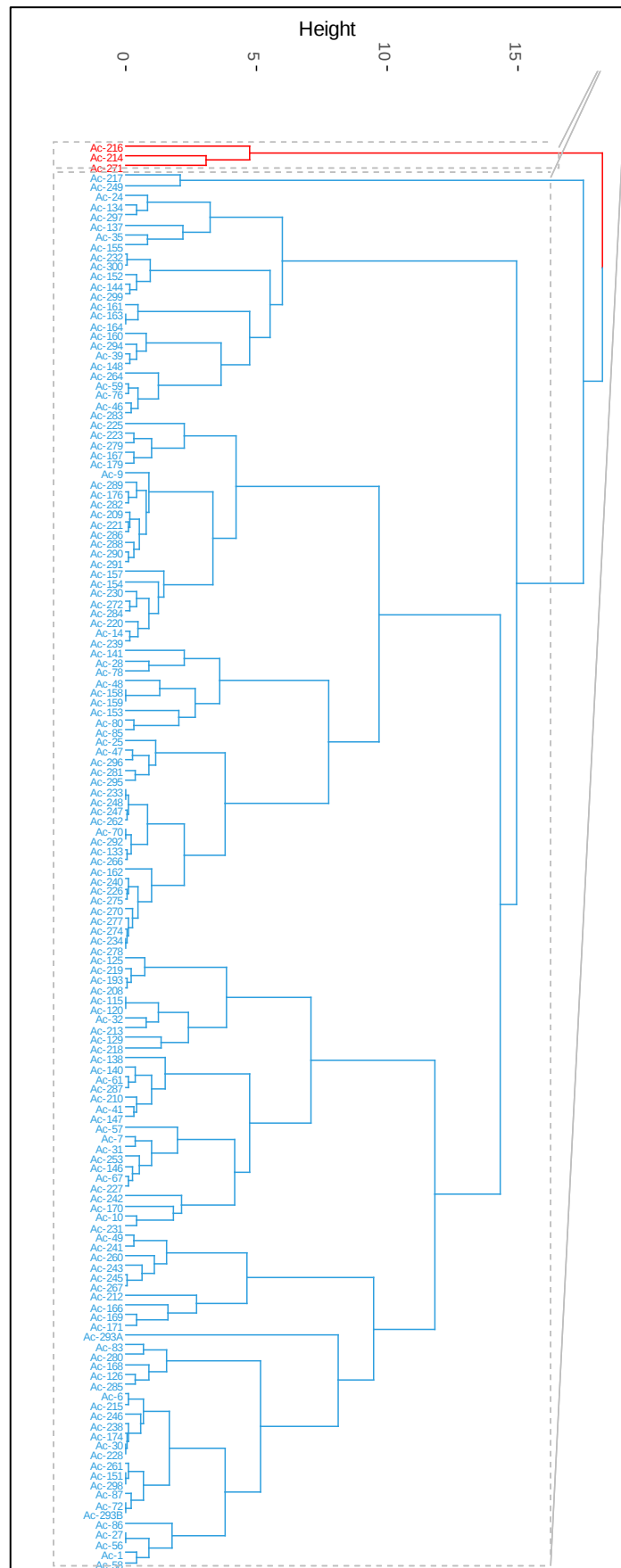
a. Análisis clúster en función a caracteres morfológicos del tallo

En la figura 3.15 se muestra dendrograma en función de los 7 caracteres del tallo de la planta de quinua. Se logró construir 2 subgrupos utilizando índice de silueta como indicador de número adecuado de clúster. En esta figura observamos que en el primer subgrupo existen agrupados solamente 3 accesiones con características similares,

mientras, en el segundo subgrupo están agrupados las 141 accesiones restantes. A partir de estas aseveraciones deducimos las 3 accesiones defieren del resto; mientras, el resto guardan semejanzas muy comunes a nivel del tallo. La accesión silvestre (Acc-59) se ubica dentro del segundo subgrupo, mostrando características similares con las accesiones cultivadas a nivel del tallo.

Figura 3.15

Clúster de agrupamiento en función de los caracteres morfológicos del tallo de quinua

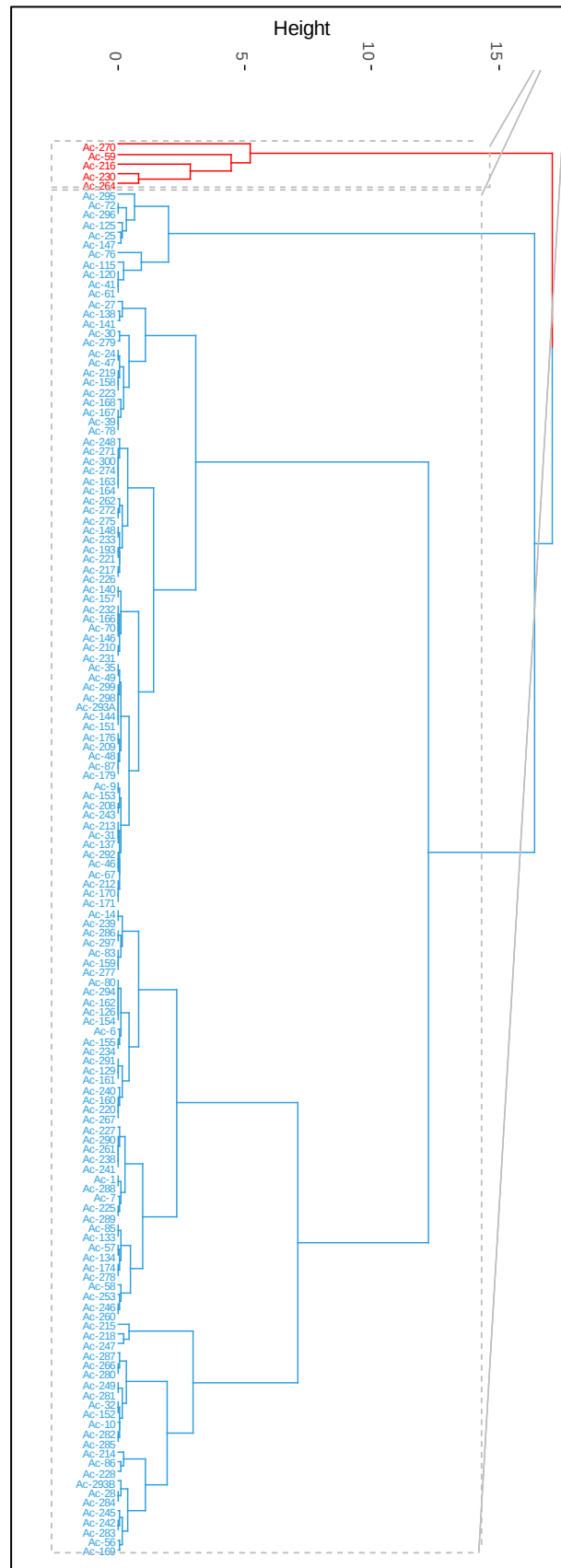


b. Clúster de agrupamiento en función a caracteres morfológicos de ramificación

En la figura 3.16 se muestra dendograma en función de los 3 caracteres de la ramificación de las accesiones de la planta de quinua. Se logró construir 2 subgrupos utilizando índice de silueta como indicador de número adecuado de clúster. En esta figura observamos que en el primer subgrupo existen agrupados solamente 5 accesiones con características similares, mientras, en el segundo subgrupo están agrupados las 139 accesiones restantes. A partir de estas aseveraciones deducimos que las 5 accesiones defieren del resto; mientras, el resto guardan semejanzas muy comunes a nivel de ramificación. La accesión silvestre (Acc-59) se ubica dentro del primer subgrupo, mostrando características similares únicamente con estas 4 accesiones cultivadas según las ramificaciones que presentan.

Figura 3.16

Clúster de agrupamiento en función de los caracteres morfológicos de ramificación de la planta de quinua

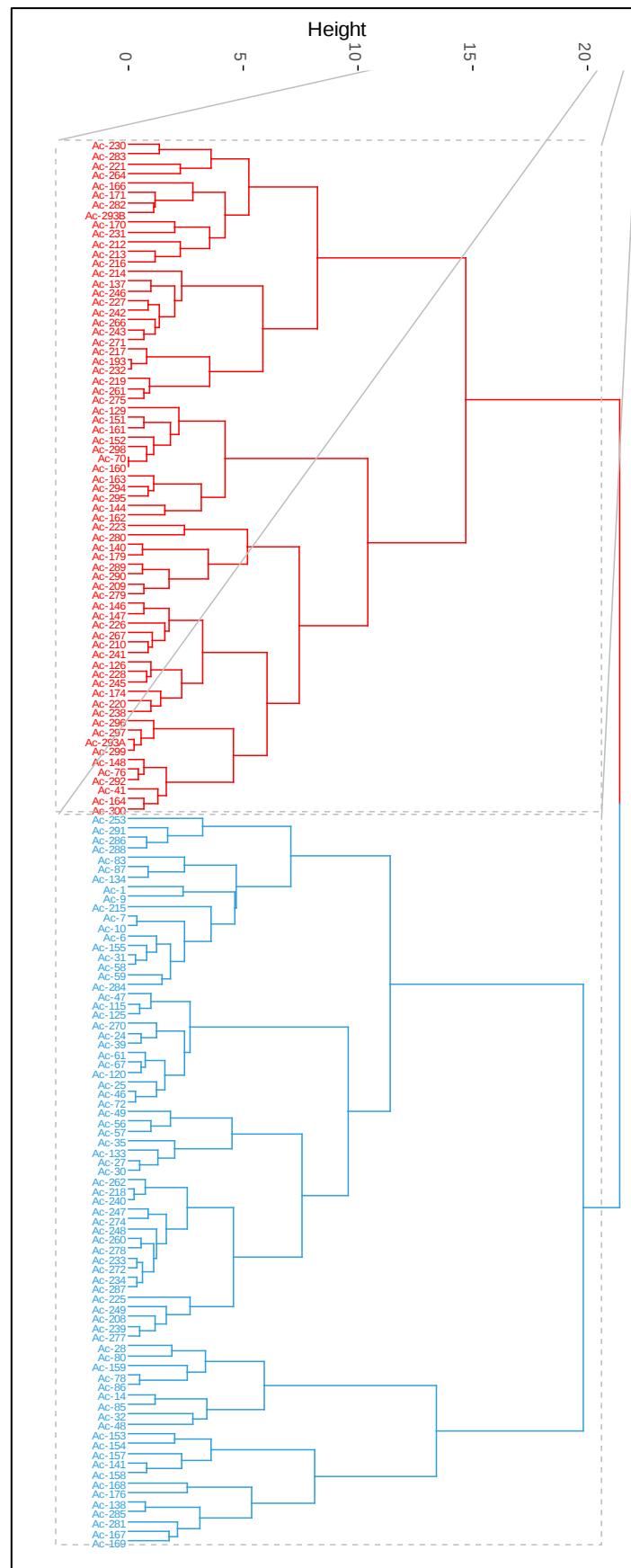


c. Clúster en función de los caracteres morfológicos de la hoja

En la figura 3.17 se muestra dendograma en función de los 9 caracteres de la hoja de las accesiones de quinua. Se logró construir 2 subgrupos utilizando índice de silueta como indicador de número adecuado de clúster. En esta figura observamos que en el primer subgrupo existen agrupados 69 accesiones con características similares, mientras, en el segundo subgrupo están agrupados las 75 accesiones restantes. A partir de estas aseveraciones deducimos que a nivel de las hojas muchas accesiones mantienen similitudes. La accesión silvestre (Ac-59) se ubica dentro del primer subgrupo, mostrando características similares únicamente con estas accesiones cultivadas.

Figura 3.17

Clúster de agrupamiento en función de los caracteres morfológicos de hoja de planta de quinua

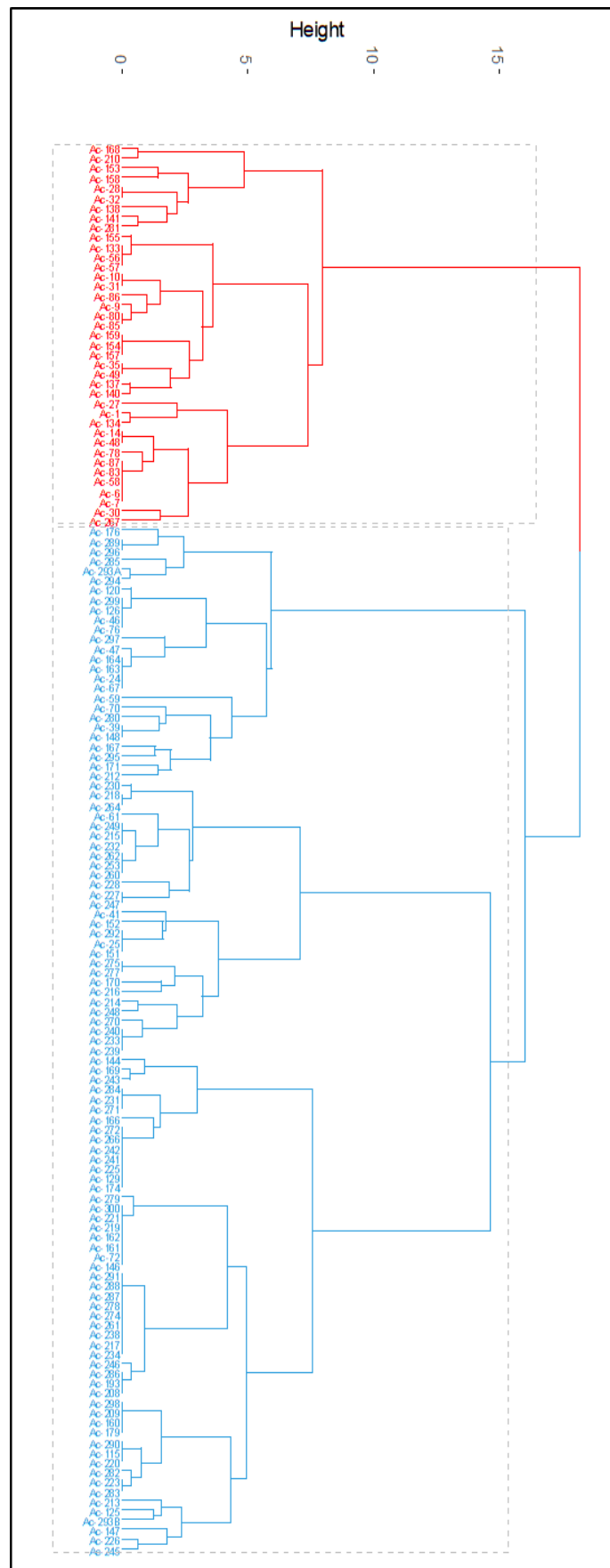


d. Clúster en función a caracteres morfológicos de la inflorescencia

En la figura 3.18 se muestra dendograma en función de los 5 caracteres de inflorescencia de las accesiones de quinua. Se logró construir 3 subgrupos utilizando índice de silueta como indicador de número adecuado de clúster. En esta figura observamos que en el primer subgrupo existen agrupados 39 accesiones con características similares, mientras, en el segundo subgrupo están agrupados las 105 accesiones restantes. A partir de estas aseveraciones deducimos que a nivel de las inflorescencias muchas accesiones mantienen similitudes comunes. La accesión silvestre (Acc-59) se ubica dentro del segundo subgrupo, mostrando características similares únicamente con estas accesiones cultivadas. Asimismo, muchas de las accesiones se muestran con características iguales, por ejemplo: 28 y 32, 133; 56 y 57; 10 y 31; sucesivamente.

Figura 3.18

Clúster de agrupamiento en función de los caracteres morfológicos de la inflorescencia de quinua

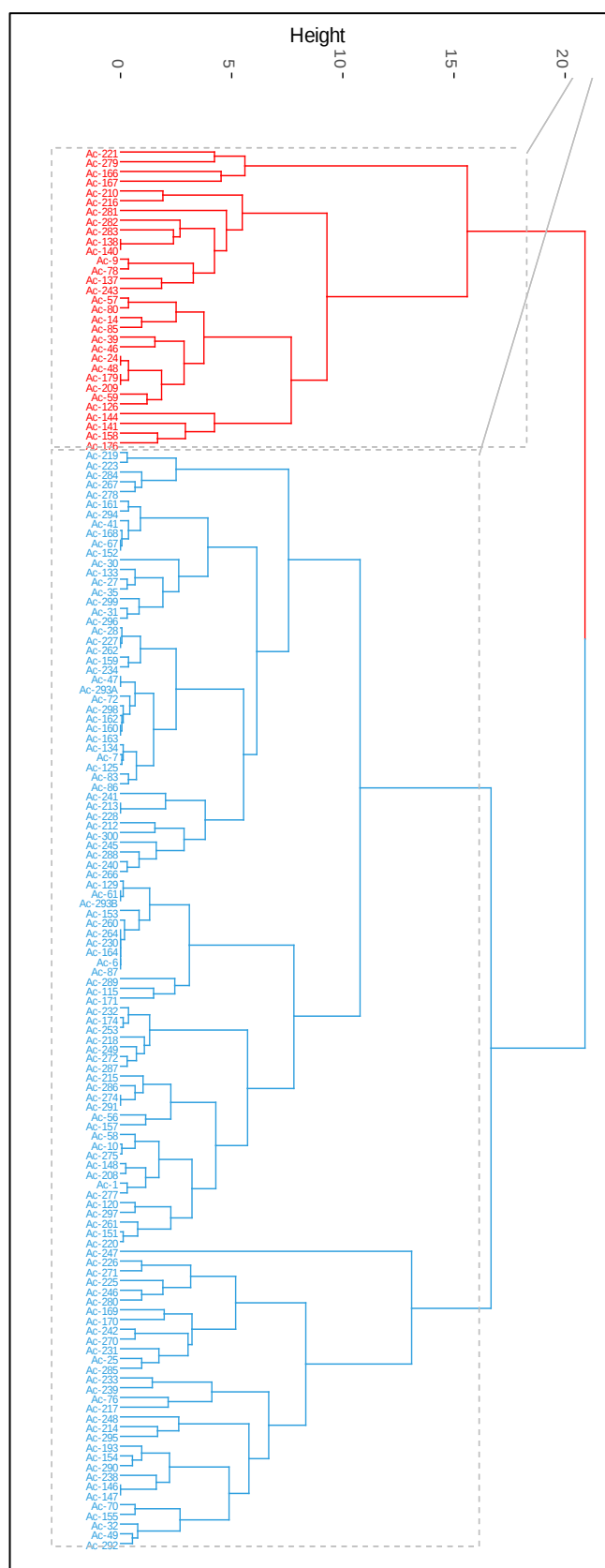


e. Clúster en función a los caracteres morfológicos de grano

En la figura 3.19 se muestra dendograma en función de los 8 caracteres de los granos de las accesiones de quinua. Se logró construir 2 subgrupos utilizando índice de silueta como indicador de número adecuado de clúster. En esta figura observamos que en el primer subgrupo existen agrupados 31 accesiones con características similares, mientras, en el segundo subgrupo están agrupados las 113 accesiones restantes. A partir de estas aseveraciones deducimos que a nivel de los granos muchas accesiones mantienen similitudes comunes. La accesión silvestre (Acc-59) se ubica dentro del primer subgrupo, mostrando características similares principalmente con estas accesiones cultivadas. Asimismo, muchas de las accesiones se muestran con características iguales, por ejemplo: 24 y 48, 179 y 209; 138 y 140, sucesivamente.

Figura 3.19

Clúster de agrupamiento en función de los caracteres morfológicos del grano de las accesiones de quinua

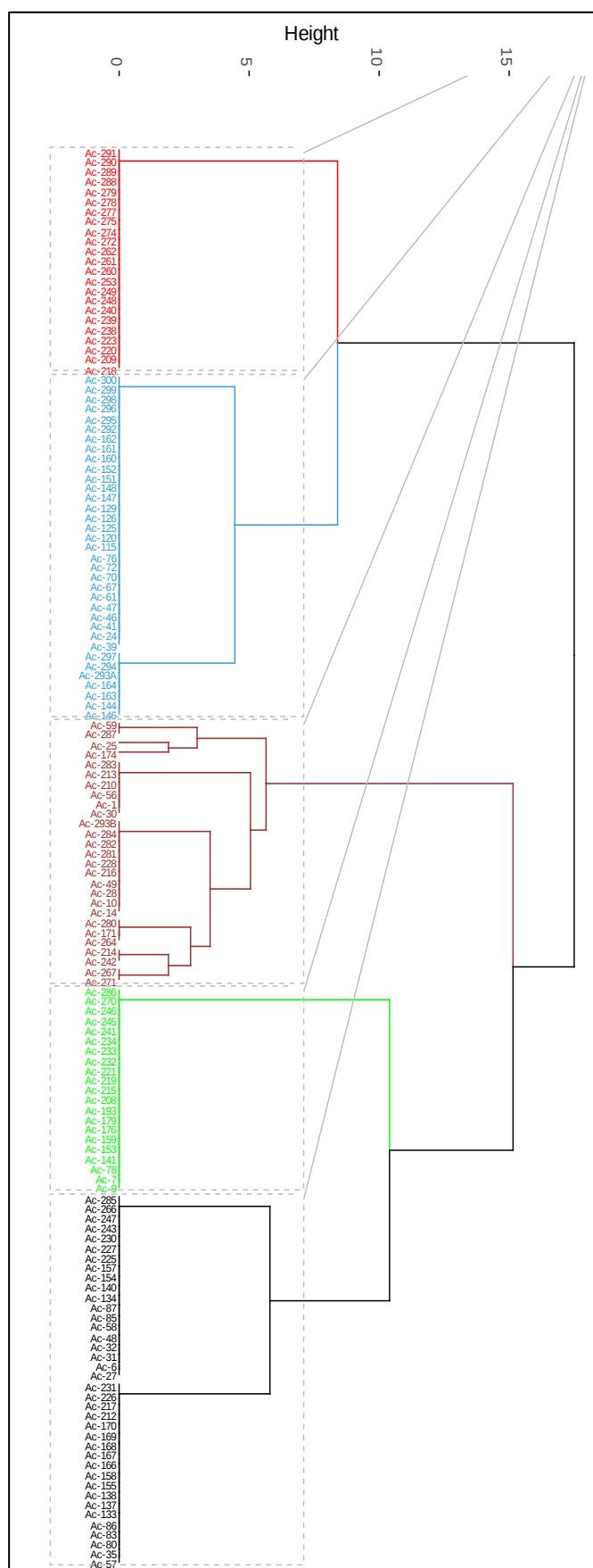


f. Clúster en función a los caracteres vegetativos de planta

En la figura 3.20 se muestra dendograma en función de los 3 caracteres vegetativos (densidad de siembra, tipo de crecimiento y habito de crecimiento) de la planta de quinua. Se logró construir 10 subgrupos utilizando índice de silueta como indicador del número adecuado de clúster. En esta figura observamos que en el primer subgrupo existen agrupados 23 accesiones con características iguales, esto se evidencia debido a que están ubicados en el mismo nivel. Lo mismo sucede en el segundo subgrupo, donde están agrupados 28 accesiones con caracteres iguales; tercero, 7 accesiones; cuarto, 4 accesiones; quinto, 6 accesiones; sexto, 10 accesiones; séptimo, 7; octavo, 21 accesiones; noveno, 19 accesiones y décimo, 19 accesiones. La accesión silvestre (Acc-59) se ubica dentro del cuarto subgrupo, mostrando características similares con las accesiones cultivadas a nivel de la planta.

Figura 3.20

Clúster de agrupamiento en función de los caracteres morfológicos de planta de quinua



3.2. Análisis de variables cuantitativas

En la Tabla 3.8 se muestra análisis de varianza las 4 variables cuantitativas, número de dientes en hojas, longitud de peciolo, longitud máxima de la hoja y ancho máximo de la hoja. En todos los casos, los tratamientos representados por las 144 accesiones, resultaron altamente significativas estadísticamente; los coeficientes de variación se encontraron en los rangos de 8.79 – 45.23%, los cuales indican precisión y confiabilidad de los resultados encontrados.

3.2.1. Análisis de varianza de número de los variables cuantitativas

Tabla 3.8

Cuadrados medios del análisis de varianza de las 6 variables cuantitativas evaluadas en quinua

F. V	G. L	Número de plantas acamadas	Número de ramas primarias	Número de dientes en las hojas	Longitud del peciolo (cm)	Longitud máxima de la hoja (cm)	Ancho máximo de la hoja (cm)
CUADRADOS MEDIOS (CM)							
Bloques	1	679.45**	117.6*	3.294	2.607**	2.069*	1.609**
Accesiones	143	272.59**	7262.5*	48.947 **	2.392**	3.658**	5.095**
Bloques incompletos	22	103.32*	628.1*	1.707	0.519**	0.325	0.325
Error	121	55.06	713.1	1.67	0.194	0.309	0.233
C. V. (%):		45.23	16.7	13.48	10.31	8.79	8.97

Nota: * significativo, ** altamente significativo

3.2.2. Comparación de medias de porcentaje de plantas acamadas

En la Tabla 3.9 se muestra prueba de Tukey del porcentaje de plantas acamadas, donde notamos que los valores varían en el rango de 1.0 – 67.50%. Con 1% se encuentran 6 accesiones y el máximo valor corresponde a la accesión 216.

En la mayoría de los cultivos, la fuerza del tallo debe considerarse como un rasgo cuantitativo. Varios caracteres individuales influyen en la resistencia al acame (Gómez, 2015)

Tabla 3.9

Comparación de medias (Tukey, 0.05) de porcentaje de plantas acamadas de las 144 accesiones de quinua

Acc.	Promedio (%)	Tukey (0.05)	Acc.	Promedio (%)	Tukey (0.05)
Ac-216	67.50	a	Ac-126	9.00	cdefghi
Ac-212	57.00	ab	Ac-285	8.50	cdefghi
Ac-241	43.75	abc	Ac-270	8.50	cdefghi
Ac-166	41.50	abcd	Ac-213	8.30	defghi
Ac-214	40.00	abcde	Ac-141	8.00	defghi
Ac-49	40.00	abcde	Ac-272	8.00	defghi
Ac-225	37.75	abcdef	Ac-146	8.00	defghi
Ac-170	37.00	abcdefg	Ac-78	8.00	defghi
Ac-243	36.00	abcdefgh	Ac-290	8.00	defghi
Ac-267	32.00	bcdefghi	Ac-137	8.00	defghi
Ac-245	31.60	bcdefghi	Ac-176	7.00	defghi
Ac-163	30.00	bcdefghi	Ac-286	7.00	defghi
Ac-164	30.00	bcdefghi	Ac-41	7.00	defghi
Ac-169	30.00	bcdefghi	Ac-230	6.50	defghi
Ac-279	28.00	bcdefghi	Ac-262	6.50	defghi
Ac-242	27.50	bcdefghi	Ac-221	6.00	efghi
Ac-129	25.00	bcdefghi	Ac-247	6.00	efghi
Ac-171	25.00	bcdefghi	Ac-284	6.00	efghi
Ac-161	25.00	bcdefghi	Ac-67	6.00	efghi
Ac-223	24.50	bcdefghi	Ac-46	6.00	efghi
Ac-260	23.00	bcdefghi	Ac-261	6.00	efghi
Ac-10	20.00	cdefghi	Ac-248	5.50	efghi
Ac-162	20.00	cdefghi	Ac-282	5.50	efghi
Ac-167	20.00	cdefghi	Ac-281	5.50	efghi
Ac-271	20.00	cdefghi	Ac-233	5.50	efghi
Ac-153	18.50	cdefghi	Ac-210	5.00	efghi
Ac-154	17.50	cdefghi	Ac-151	5.00	efghi
Ac-231	17.50	cdefghi	Ac-24	5.00	efghi
Ac-218	16.50	cdefghi	Ac-298	5.00	efghi
Ac-220	16.00	cdefghi	Ac-80	5.00	efghi
Ac-179	16.00	cdefghi	Ac-152	5.00	efghi
Ac-246	15.35	cdefghi	Ac-209	5.00	efghi
Ac-47	15.00	cdefghi	Ac-227	5.00	efghi
Ac-168	15.00	cdefghi	Ac-134	5.00	efghi
Ac-264	14.50	cdefghi	Ac-125	5.00	efghi
Ac-140	14.00	cdefghi	Ac-294	5.00	efghi
Ac-275	14.00	cdefghi	Ac-1	3.75	fghi
Ac-226	13.50	cdefghi	Ac-283	3.50	fghi
Ac-208	13.00	cdefghi	Ac-28	3.00	fghi
Ac-193	12.50	cdefghi	Ac-86	3.00	fghi
Ac-240	12.50	cdefghi	Ac-138	3.00	fghi
Ac-296	12.00	cdefghi	Ac-147	3.00	fghi
Ac-239	12.00	cdefghi	Ac-148	2.00	ghi
Ac-249	11.50	cdefghi	Ac-87	2.00	ghi
Ac-253	11.50	cdefghi	Ac-48	2.00	ghi
Ac-288	11.50	cdefghi	Ac-58	2.00	ghi
Ac-274	11.50	cdefghi	Ac-144	2.00	ghi
Ac-278	11.00	cdefghi	Ac-133	2.00	ghi
Ac-287	11.00	cdefghi	Ac-266	1.50	hi
Ac-234	11.00	cdefghi	Ac-59	1.50	hi
Ac-289	10.50	cdefghi	Ac-31	1.00	hi
Ac-219	10.50	cdefghi	Ac-7	1.00	hi
Ac-174	10.50	cdefghi	Ac-159	1.00	hi
Ac-6	10.10	cdefghi	Ac-158	1.00	hi
Ac-160	10.00	cdefghi	Ac-83	1.00	hi
Ac-295	10.00	cdefghi	Ac-85	1.00	hi
Ac-30	10.00	cdefghi	Ac-280	0.00	i
Ac-35	10.00	cdefghi	Ac-25	0.00	i
Ac-293A	10.00	cdefghi	Ac-70	0.00	i
Ac-14	10.00	cdefghi	Ac-72	0.00	i
Ac-27	10.00	cdefghi	Ac-76	0.00	i
Ac-32	10.00	cdefghi	Ac-157	0.00	i
Ac-228	10.00	cdefghi	Ac-39	0.00	i
Ac-277	10.00	cdefghi	Ac-299	0.00	i
Ac-61	10.00	cdefghi	Ac-57	0.00	i
Ac-56	10.00	cdefghi	Ac-293B	0.00	i
Ac-232	9.50	cdefghi	Ac-297	0.00	i
Ac-238	9.00	cdefghi	Ac-120	0.00	i
Ac-300	9.00	cdefghi	Ac-155	0.00	i
Ac-217	9.00	cdefghi	Ac-292	0.00	i
Ac-291	9.00	cdefghi	Ac-115	0.00	i
Ac-215	9.00	cdefghi	Ac-9	0.00	i

3.2.3. Comparación de medias del número de ramas primarias

En la Tabla 3.10 se muestra prueba de Tukey del número de ramas primarias de las 144 accesiones, donde notamos que los valores varían en el rango de 4.7 – 32.90 unidades, los cuales corresponden a las accesiones 27 y 270, respectivamente.

Tabla 3.10

Comparación de medias (Tukey, 0.05) de número de ramas primarias de las 144 accesiones de quinua

Acc.	Promedio (und.)	Tukey (0.05)	Acc.	Promedio (und.)	Tukey (0.05)
Ac-270	32.90	a	Ac-25	12.50	defghijklmnopq
Ac-215	28.45	ab	Ac-271	12.05	defghijklmnopq
Ac-218	27.15	abc	Ac-274	12.00	defghijklmnopq
Ac-247	26.10	abcd	Ac-164	12.00	defghijklmnopq
Ac-214	24.75	abcde	Ac-300	12.00	defghijklmnopq
Ac-228	23.95	abcdef	Ac-147	12.00	defghijklmnopq
Ac-86	23.45	abcdefg	Ac-163	12.00	defghijklmnopq
Ac-242	22.30	abcdefgh	Ac-248	11.75	efghijklmnopq
Ac-283	22.20	abcdefghi	Ac-272	11.55	efghijklmnopq
Ac-245	21.95	abcdefghi	Ac-275	11.55	efghijklmnopq
Ac-56	21.70	abcdefghij	Ac-125	11.50	efghijklmnopq
Ac-169	21.40	abcdefghijk	Ac-262	11.40	efghijklmnopq
Ac-28	21.10	abcdefghijkl	Ac-226	11.20	efghijklmnopq
Ac-284	21.00	abcdefghijkl	Ac-217	11.15	efghijklmnopq
Ac-293B	20.55	abcdefghijklm	Ac-193	11.10	efghijklmnopq
Ac-287	19.95	abcdefghijklm	Ac-221	11.05	efghijklmnopq
Ac-280	19.70	abcdefghijklm	Ac-148	11.00	efghijklmnopq
Ac-230	19.60	abcdefghijklmn	Ac-233	10.85	efghijklmnopq
Ac-266	19.60	abcdefghijklmn	Ac-213	10.70	efghijklmnopq
Ac-10	19.30	abcdefghijklmno	Ac-31	10.65	efghijklmnopq
Ac-282	19.20	abcdefghijklmnop	Ac-137	10.65	efghijklmnopq
Ac-285	19.10	abcdefghijklmnop	Ac-170	10.60	efghijklmnopq
Ac-152	19.00	abcdefghijklmnop	Ac-171	10.60	efghijklmnopq
Ac-32	18.90	abcdefghijklmnop	Ac-212	10.60	efghijklmnopq
Ac-249	18.75	abcdefghijklmnopq	Ac-67	10.50	fghijklmnopq
Ac-281	18.60	bcdefghijklmnopq	Ac-46	10.50	fghijklmnopq
Ac-246	18.05	bcdefghijklmnopq	Ac-292	10.50	fghijklmnopq
Ac-260	17.95	bcdefghijklmnopq	Ac-153	10.40	fghijklmnopq
Ac-253	17.90	bcdefghijklmnopq	Ac-59	10.40	fghijklmnopq
Ac-58	17.45	bcdefghijklmnopq	Ac-9	10.35	fghijklmnopq
Ac-133	17.00	bcdefghijklmnopq	Ac-243	10.30	fghijklmnopq
Ac-85	16.95	bcdefghijklmnopq	Ac-208	10.25	fghijklmnopq
Ac-278	16.80	bcdefghijklmnopq	Ac-35	10.10	fghijklmnopq
Ac-174	16.75	bcdefghijklmnopq	Ac-49	10.10	fghijklmnopq
Ac-134	16.60	bcdefghijklmnopq	Ac-293A	10.00	fghijklmnopq
Ac-57	16.55	bcdefghijklmnopq	Ac-144	10.00	fghijklmnopq
Ac-7	16.30	bcdefghijklmnopq	Ac-298	10.00	fghijklmnopq
Ac-289	16.10	bcdefghijklmnopq	Ac-299	10.00	fghijklmnopq
Ac-225	15.95	bcdefghijklmnopq	Ac-151	10.00	fghijklmnopq
Ac-1	15.80	bcdefghijklmnopq	Ac-115	10.00	fghijklmnopq
Ac-288	15.70	bcdefghijklmnopq	Ac-87	9.90	fghijklmnopq
Ac-264	15.50	bcdefghijklmnopq	Ac-179	9.90	fghijklmnopq
Ac-290	15.50	bcdefghijklmnopq	Ac-48	9.75	ghijklmnopq
Ac-241	15.40	bcdefghijklmnopq	Ac-209	9.65	ghijklmnopq
Ac-238	15.40	bcdefghijklmnopq	Ac-176	9.65	ghijklmnopq
Ac-261	15.35	bcdefghijklmnopq	Ac-140	9.30	ghijklmnopq
Ac-227	15.15	bcdefghijklmnopq	Ac-157	9.25	hijklmnopq
Ac-295	15.00	bcdefghijklmnopq	Ac-210	9.10	hijklmnopq
Ac-160	15.00	bcdefghijklmnopq	Ac-231	9.05	hijklmnopq
Ac-267	14.90	bcdefghijklmnopq	Ac-70	9.00	hijklmnopq
Ac-220	14.90	bcdefghijklmnopq	Ac-120	9.00	hijklmnopq
Ac-240	14.75	bcdefghijklmnopq	Ac-166	9.00	hijklmnopq
Ac-129	14.50	bcdefghijklmnopq	Ac-146	9.00	hijklmnopq
Ac-161	14.50	bcdefghijklmnopq	Ac-61	9.00	hijklmnopq
Ac-291	14.45	bcdefghijklmnopq	Ac-41	9.00	hijklmnopq
Ac-80	14.10	cdefghijklmnopq	Ac-232	9.00	hijklmnopq
Ac-126	14.00	cdefghijklmnopq	Ac-168	8.40	hijklmnopq
Ac-294	14.00	cdefghijklmnopq	Ac-167	8.00	ijklmnopq
Ac-162	14.00	cdefghijklmnopq	Ac-39	8.00	ijklmnopq
Ac-154	13.95	cdefghijklmnopq	Ac-78	7.95	ijklmnopq
Ac-234	13.90	cdefghijklmnopq	Ac-219	7.85	ijklmnopq
Ac-155	13.75	cdefghijklmnopq	Ac-223	7.70	jklmnopq
Ac-6	13.65	cdefghijklmnopq	Ac-158	7.65	jklmnopq
Ac-239	13.25	cdefghijklmnopq	Ac-24	7.50	klmnopq
Ac-14	13.25	cdefghijklmnopq	Ac-47	7.50	klmnopq
Ac-297	13.00	cdefghijklmnopq	Ac-279	6.95	lmnopq
Ac-296	13.00	cdefghijklmnopq	Ac-30	6.50	mnopq
Ac-72	13.00	cdefghijklmnopq	Ac-141	5.50	nopq
Ac-286	12.95	defghijklmnopq	Ac-76	5.50	nopq
Ac-83	12.80	defghijklmnopq	Ac-138	5.15	opq
Ac-277	12.70	defghijklmnopq	Ac-216	5.05	pq
Ac-159	12.65	defghijklmnopq	Ac-27	4.70	q

3.2.4. Comparación de medias del número de dientes de la hoja

En la Tabla 3.11 se muestra prueba de Tukey del número de dientes de las hojas de las 144 accesiones, donde notamos que los valores varían en el rango de 1.05 – 23.6 unidades, los cuales corresponden a las accesiones 231 y 35, respectivamente.

Tabla 3.11

Comparación de medias (Tukey, 0.05) de número de dientes de la hoja de las 144 accesiones de quinua

Acc.	Promedio (und.)	Tukey (0.05)	Acc.	Promedio (und.)	Tukey (0.05)
Ac-35	23.6	a	Ac-169	8.40	xyzabcdefghij
Ac-32	22.1	ab	Ac-157	8.25	yzabcdefghijk
Ac-28	21.7	ab	Ac-10	8.20	yzabcdefghijk
Ac-133	19.7	abc	Ac-220	8.20	yzabcdefghijk
Ac-218	19.4	bcd	Ac-138	8.10	yzabcdefghijkl
Ac-159	18.9	bcde	Ac-270	8.00	yzabcdefghijkl
Ac-225	18.85	bcde	Ac-141	8.00	yzabcdefghijkl
Ac-240	18.8	bcdef	Ac-216	7.65	zabcdefghijklm
Ac-27	18.3	bcdefg	Ac-286	7.50	abcdefghijklmn
Ac-85	18.2	bcdefgh	Ac-166	7.30	bcdefghijklmno
Ac-57	17.4	cdefghi	Ac-246	7.30	bcdefghijklmno
Ac-30	17.3	cdefghi	Ac-285	7.20	bcdefghijklmno
Ac-262	17.1	cdefghij	Ac-264	7.20	bcdefghijklmno
Ac-48	16.9	cdefghijk	Ac-217	7.20	bcdefghijklmno
Ac-78	16.8	cdefghijk	Ac-282	7.05	bcdefghijklmno
Ac-277	16.5	cdefghijkl	Ac-241	6.85	cdefghijklmnop
Ac-1	16.4	cdefghijklm	Ac-290	6.80	cdefghijklmnop
Ac-80	16.2	cdefghijklm	Ac-137	6.80	cdefghijklmnop
Ac-14	16.2	cdefghijklm	Ac-293B	6.10	defghijklmnop
Ac-86	15.9	cdefghijklmn	Ac-267	6.05	efghijklmnop
Ac-239	15.9	cdefghijklmn	Ac-171	6.00	efghijklmnop
Ac-83	15.5	defghijklmno	Ac-283	5.80	fghijklmnopq
Ac-234	15.2	efghijklmnop	Ac-288	5.80	fghijklmnopq
Ac-49	15.2	efghijklmnop	Ac-275	5.80	fghijklmnopq
Ac-287	15.2	efghijklmnop	Ac-261	5.60	ghijklmnopq
Ac-59	15.1	efghijklmnop	Ac-228	5.25	hijklmnopq
Ac-6	15	efghijklmnopq	Ac-168	5.20	hijklmnopq
Ac-248	15	efghijklmnopq	Ac-25	5.00	ijklmnopqr
Ac-208	14.8	fghijklmnopqr	Ac-24	5.00	ijklmnopqr
Ac-134	14.4	ghijklmnopqrs	Ac-163	5.00	ijklmnopqr
Ac-153	14.3	ghijklmnopqrs	Ac-76	5.00	ijklmnopqr
Ac-214	14.2	hijklmnopqrs	Ac-160	5.00	ijklmnopqr
Ac-233	14.2	hijklmnopqrs	Ac-67	5.00	ijklmnopqr
Ac-56	14.2	hijklmnopqrs	Ac-70	5.00	ijklmnopqr
Ac-154	13.65	ijklmnopqrst	Ac-72	5.00	ijklmnopqr
Ac-272	13.6	ijklmnopqrst	Ac-147	5.00	ijklmnopqr
Ac-253	13.1	jklmnopqrstu	Ac-292	5.00	ijklmnopqr
Ac-249	13.1	jklmnopqrstu	Ac-161	5.00	ijklmnopqr
Ac-260	13	klmnopqrstu	Ac-162	5.00	ijklmnopqr
Ac-167	13	klmnopqrstu	Ac-164	5.00	ijklmnopqr
Ac-284	12.5	lmnopqrstuw	Ac-47	5.00	ijklmnopqr
Ac-281	12.4	mnopqrstuwxy	Ac-46	5.00	ijklmnopqr
Ac-31	12	nopqrstuwxy	Ac-41	5.00	ijklmnopqr
Ac-274	12	nopqrstuwxy	Ac-148	5.00	ijklmnopqr
Ac-174	11.7	opqrstuwxyz	Ac-61	5.00	ijklmnopqr
Ac-223	11.6	opqrstuwxyz	Ac-293A	5.00	ijklmnopqr
Ac-278	11.5	opqrstuwxyz	Ac-294	5.00	ijklmnopqr
Ac-280	11.5	opqrstuwxyz	Ac-296	5.00	ijklmnopqr
Ac-271	11.35	pqrstuwxyz	Ac-299	5.00	ijklmnopqr
Ac-226	11.05	qrstuwxyzab	Ac-298	5.00	ijklmnopqr
Ac-212	10.9	rstuwxyzab	Ac-297	5.00	ijklmnopqr
Ac-279	10.8	rstuwxyzabc	Ac-300	5.00	ijklmnopqr
Ac-58	10.7	stuwxyzabc	Ac-120	5.00	ijklmnopqr
Ac-291	10.7	stuwxyzabc	Ac-39	5.00	ijklmnopqr
Ac-87	10.7	stuwxyzabc	Ac-125	5.00	ijklmnopqr
Ac-158	10.6	stuwxyzabc	Ac-295	5.00	ijklmnopqr
Ac-209	10.5	stuwxyzabc	Ac-126	5.00	ijklmnopqr
Ac-247	10.4	stuwxyzabc	Ac-129	5.00	ijklmnopqr
Ac-215	10.1	tuwxyzabcd	Ac-115	5.00	ijklmnopqr
Ac-238	10	tuwxyzabcde	Ac-242	4.65	jklmnopqr
Ac-230	9.9	tuwxyzabcde	Ac-193	4.30	klmnopqr
Ac-155	9.8	tuwxyzabcdef	Ac-213	4.10	lmnopqr
Ac-7	9.7	tuwxyzabcdef	Ac-221	3.90	mnopqr
Ac-289	9.7	tuwxyzabcdef	Ac-176	3.70	mnopqr
Ac-179	9.3	uwxyzabcdefg	Ac-232	3.60	nopqr
Ac-210	9.3	uwxyzabcdefg	Ac-219	3.30	opqr
Ac-266	9.2	uwxyzabcdefgh	Ac-152	3.00	pqr
Ac-245	8.9	wxyzabcdefghi	Ac-146	3.00	pqr
Ac-9	8.6	wxyzabcdefghij	Ac-151	3.00	pqr
Ac-243	8.55	wxyzabcdefghij	Ac-144	3.00	pqr
Ac-140	8.5	wxyzabcdefghij	Ac-170	1.80	qr
Ac-227	8.4	xyzabcdefghij	Ac-231	1.05	r

3.2.5. Comparación de medias de longitud de peciolo.

En la Tabla 3.12 se muestra prueba de Tukey de longitud de peciolo de las 144 accesiones de quinua, donde notamos que los valores varían en el rango de 2.0 – 7.10 cm, los cuales corresponden a las accesiones 213 y 49, respectivamente.

Tabla 3.12

Comparación de medias (Tukey, 0.05) de longitud de peciolo de las 144 accesiones de quinua

Acc.	Promedio (cm)	Tukey (0.05)	Acc.	Promedio (cm)	Tukey (0.05)
Ac-49	7.10	a	Ac-144	4.25	bcdefghijklmnopqrstuw
Ac-80	6.30	ab	Ac-158	4.25	bcdefghijklmnopqrstuw
Ac-24	6.25	abc	Ac-6	4.20	cdefghijklmnopqrstuw
Ac-39	6.25	abc	Ac-58	4.20	cdefghijklmnopqrstuw
Ac-47	6.25	abc	Ac-209	4.20	cdefghijklmnopqrstuw
Ac-215	6.05	abcd	Ac-133	4.20	cdefghijklmnopqrstuw
Ac-125	6.00	abcd	Ac-219	4.10	defghijklmnopqrstuwx
Ac-159	6.00	abcd	Ac-31	4.10	defghijklmnopqrstuwx
Ac-274	6.00	abcd	Ac-138	4.10	defghijklmnopqrstuwx
Ac-48	5.90	abcde	Ac-220	4.10	defghijklmnopqrstuwx
Ac-85	5.90	abcde	Ac-148	4.00	defghijklmnopqrstuwx
Ac-247	5.90	abcde	Ac-246	4.00	defghijklmnopqrstuwx
Ac-32	5.90	abcde	Ac-261	4.00	defghijklmnopqrstuwx
Ac-57	5.90	abcde	Ac-243	4.00	defghijklmnopqrstuwx
Ac-270	5.80	abcdef	Ac-161	3.90	efghijklmnopqrstuwx
Ac-248	5.80	abcdef	Ac-245	3.90	efghijklmnopqrstuwx
Ac-115	5.75	abcdefg	Ac-296	3.85	efghijklmnopqrstuwx
Ac-56	5.70	abcdefg	Ac-295	3.85	efghijklmnopqrstuwx
Ac-46	5.50	abcdefgh	Ac-208	3.80	fghijklmnopqrstuwx
Ac-223	5.50	abcdefgh	Ac-238	3.80	fghijklmnopqrstuwx
Ac-67	5.50	abcdefgh	Ac-83	3.80	fghijklmnopqrstuwx
Ac-262	5.50	abcdefgh	Ac-228	3.80	fghijklmnopqrstuwx
Ac-287	5.40	abcdefghi	Ac-230	3.75	fghijklmnopqrstuwx
Ac-234	5.40	abcdefghi	Ac-292	3.75	fghijklmnopqrstuwx
Ac-154	5.40	abcdefghi	Ac-76	3.75	fghijklmnopqrstuwx
Ac-286	5.40	abcdefghi	Ac-163	3.75	fghijklmnopqrstuwx
Ac-35	5.30	abcdefghij	Ac-164	3.75	fghijklmnopqrstuwx
Ac-253	5.30	abcdefghij	Ac-298	3.75	fghijklmnopqrstuwx
Ac-72	5.25	abcdefghijk	Ac-152	3.75	fghijklmnopqrstuwx
Ac-291	5.20	abcdefghijk	Ac-300	3.75	fghijklmnopqrstuwx
Ac-218	5.20	abcdefghijk	Ac-171	3.70	ghijklmnopqrstuwx
Ac-153	5.15	abcdefghijkl	Ac-176	3.70	ghijklmnopqrstuwx
Ac-278	5.10	abcdefghijklm	Ac-266	3.60	hijklmnopqrstuwx
Ac-272	5.10	abcdefghijklm	Ac-271	3.60	hijklmnopqrstuwx
Ac-30	5.10	abcdefghijklm	Ac-225	3.45	hijklmnopqrstuwx
Ac-240	5.10	abcdefghijklm	Ac-285	3.40	ijklmnopqrstuwx
Ac-289	5.10	abcdefghijklm	Ac-137	3.40	ijklmnopqrstuwx
Ac-86	5.10	abcdefghijklm	Ac-267	3.35	ijklmnopqrstuwx
Ac-41	5.00	bcdefghijklmn	Ac-242	3.35	ijklmnopqrstuwx
Ac-120	5.00	bcdefghijklmn	Ac-167	3.30	jklmnopqrstuwx
Ac-129	5.00	bcdefghijklmn	Ac-151	3.30	jklmnopqrstuwx
Ac-174	5.00	bcdefghijklmn	Ac-297	3.30	jklmnopqrstuwx
Ac-260	5.00	bcdefghijklmn	Ac-293A	3.25	jklmnopqrstuwx
Ac-233	5.00	bcdefghijklmn	Ac-227	3.20	klmnopqrstuwx
Ac-10	4.90	bcdefghijklmno	Ac-140	3.20	klmnopqrstuwx
Ac-290	4.90	bcdefghijklmno	Ac-169	3.10	lmnopqrstuwx
Ac-249	4.90	bcdefghijklmno	Ac-210	3.10	lmnopqrstuwx
Ac-279	4.90	bcdefghijklmno	Ac-283	3.05	mnoqrstuwx
Ac-28	4.90	bcdefghijklmno	Ac-299	3.05	mnoqrstuwx
Ac-14	4.80	bcdefghijklmnop	Ac-294	3.05	mnoqrstuwx
Ac-78	4.80	bcdefghijklmnop	Ac-146	3.00	noprstuwx
Ac-87	4.80	bcdefghijklmnop	Ac-226	2.95	noprstuwx
Ac-9	4.80	bcdefghijklmnop	Ac-179	2.90	opqrstuwx
Ac-61	4.75	bcdefghijklmnopq	Ac-212	2.85	opqrstuwx
Ac-7	4.70	bcdefghijklmnopq	Ac-166	2.80	pqrstuwx
Ac-59	4.70	bcdefghijklmnopq	Ac-282	2.75	pqrstuwx
Ac-1	4.60	bcdefghijklmnopqr	Ac-147	2.75	pqrstuwx
Ac-288	4.60	bcdefghijklmnopqr	Ac-162	2.75	pqrstuwx
Ac-27	4.60	bcdefghijklmnopqr	Ac-281	2.70	qrstuwx
Ac-157	4.55	bcdefghijklmnopqrs	Ac-193	2.60	rstuwx
Ac-141	4.50	bcdefghijklmnopqrst	Ac-232	2.60	rstuwx
Ac-160	4.50	bcdefghijklmnopqrst	Ac-293B	2.55	rstuwx
Ac-126	4.50	bcdefghijklmnopqrst	Ac-216	2.55	rstuwx
Ac-277	4.50	bcdefghijklmnopqrst	Ac-217	2.50	stuwx
Ac-70	4.50	bcdefghijklmnopqrst	Ac-170	2.50	stuwx
Ac-134	4.50	bcdefghijklmnopqrst	Ac-231	2.45	tuwx
Ac-155	4.45	bcdefghijklmnopqrstu	Ac-214	2.45	tuwx
Ac-275	4.40	bcdefghijklmnopqrstu	Ac-168	2.40	uwxy
Ac-280	4.35	bcdefghijklmnopqrstu	Ac-241	2.40	wxy
Ac-284	4.30	bcdefghijklmnopqrstu	Ac-221	2.20	xy
Ac-239	4.30	bcdefghijklmnopqrstu	Ac-264	2.05	y
Ac-25	4.25	bcdefghijklmnopqrstu	Ac-213	2.00	y

3.2.6. Comparación de medias de la longitud máxima de la hoja

En la Tabla 3.13 se muestra prueba de Tukey de longitud máxima de la hoja de las 144 accesiones de quinua, donde notamos que los valores varían en el rango de 3.65 – 9.50 cm, los cuales corresponden a las accesiones 213 y 49, respectivamente.

Tabla 3.13

Comparación de medias (Tukey, 0.05) de longitud máxima de la hoja de las 144 accesiones de quinua

Acc.	Promedio (cm)	Tukey (0.05)	Acc.	Promedio (cm)	Tukey (0.05)
Ac-49	9.50	a	Ac-161	6.45	defghijklmnopqrstuvwxyz
Ac-47	9.25	ab	Ac-248	6.40	defghijklmnopqrstuvwxyz
Ac-125	8.75	abc	Ac-83	6.30	defghijklmnopqrstuvwxyz
Ac-48	8.50	abcd	Ac-286	6.30	defghijklmnopqrstuvwxyz
Ac-61	8.50	abcd	Ac-288	6.30	defghijklmnopqrstuvwxyz
Ac-159	8.40	abcde	Ac-294	6.25	efghijklmnopqrstuvwxyz
Ac-57	8.40	abcde	Ac-41	6.25	efghijklmnopqrstuvwxyz
Ac-56	8.30	abcdef	Ac-280	6.20	efghijklmnopqrstuvwxyz
Ac-253	8.30	abcdef	Ac-296	6.15	fghijklmnopqrstuvwxyz
Ac-115	8.25	abcdef	Ac-59	6.10	fghijklmnopqrstuvwxyz
Ac-129	8.25	abcdef	Ac-279	6.10	fghijklmnopqrstuvwxyz
Ac-32	8.20	abcdefg	Ac-85	6.10	fghijklmnopqrstuvwxyz
Ac-240	8.20	abcdefg	Ac-138	6.10	fghijklmnopqrstuvwxyz
Ac-218	8.20	abcdefg	Ac-223	6.00	ghijklmnopqrstuvwxyz
Ac-35	8.00	abcdefgh	Ac-163	6.00	ghijklmnopqrstuvwxyz
Ac-78	7.80	abcdefghi	Ac-126	6.00	ghijklmnopqrstuvwxyz
Ac-80	7.80	abcdefghi	Ac-158	5.95	hijklmnopqrstuvwxyz
Ac-7	7.80	abcdefghi	Ac-157	5.90	hijklmnopqrstuvwxyz
Ac-67	7.75	abcdefghi	Ac-14	5.90	hijklmnopqrstuvwxyz
Ac-39	7.75	abcdefghi	Ac-284	5.90	hijklmnopqrstuvwxyz
Ac-120	7.75	abcdefghi	Ac-133	5.90	hijklmnopqrstuvwxyz
Ac-25	7.75	abcdefghi	Ac-209	5.90	hijklmnopqrstuvwxyz
Ac-291	7.70	abcdefghij	Ac-285	5.80	hijklmnopqrstuvwxyz
Ac-10	7.70	abcdefghij	Ac-141	5.80	hijklmnopqrstuvwxyz
Ac-154	7.70	abcdefghij	Ac-174	5.80	hijklmnopqrstuvwxyz
Ac-262	7.70	abcdefghij	Ac-245	5.75	ijklmnopqrstuvwxyz
Ac-215	7.65	abcdefghijk	Ac-226	5.75	ijklmnopqrstuvwxyz
Ac-87	7.60	abcdefghijkl	Ac-275	5.70	ijklmnopqrstuvwxyz
Ac-233	7.60	abcdefghijkl	Ac-246	5.70	ijklmnopqrstuvwxyz
Ac-287	7.60	abcdefghijkl	Ac-208	5.70	ijklmnopqrstuvwxyz
Ac-28	7.60	abcdefghijkl	Ac-220	5.70	ijklmnopqrstuvwxyz
Ac-72	7.50	abcdefghijkl	Ac-147	5.50	ijklmnopqrstuvwxyz
Ac-274	7.50	abcdefghijkl	Ac-146	5.50	ijklmnopqrstuvwxyz
Ac-153	7.50	abcdefghijkl	Ac-144	5.50	ijklmnopqrstuvwxyz
Ac-234	7.50	abcdefghijkl	Ac-230	5.50	ijklmnopqrstuvwxyz
Ac-290	7.50	abcdefghijkl	Ac-219	5.50	ijklmnopqrstuvwxyz
Ac-297	7.45	abcdefghijkl	Ac-214	5.45	klmnopqrstuvwxyz
Ac-6	7.40	abcdefghijklm	Ac-140	5.40	lmnopqrstuvwxyz
Ac-272	7.40	abcdefghijklm	Ac-137	5.40	lmnopqrstuvwxyz
Ac-289	7.40	abcdefghijklm	Ac-228	5.20	mnpqrstuvwxyz
Ac-86	7.40	abcdefghijklm	Ac-167	5.20	mnpqrstuvwxyz
Ac-249	7.40	abcdefghijklm	Ac-162	5.00	nopqrstuvwxyz
Ac-247	7.35	abcdefghijklm	Ac-227	4.95	opqrstuvwxyz
Ac-260	7.30	abcdefghijklm	Ac-176	4.90	opqrstuvwxyz
Ac-46	7.25	bcdefghijklm	Ac-166	4.80	pqrstuvwxyz
Ac-148	7.25	bcdefghijklm	Ac-179	4.70	qrstuvwxyz
Ac-9	7.20	bcdefghijklmn	Ac-212	4.70	qrstuvwxyz
Ac-134	7.20	bcdefghijklmn	Ac-282	4.60	rstuvwxyz
Ac-277	7.10	bcdefghijklmno	Ac-238	4.50	stuvwxyz
Ac-298	7.00	cdefghijklmnop	Ac-171	4.50	stuvwxyz
Ac-152	7.00	cdefghijklmnop	Ac-210	4.50	stuvwxyz
Ac-24	7.00	cdefghijklmnop	Ac-216	4.45	tuwxyz
Ac-299	6.90	cdefghijklmnopq	Ac-225	4.40	uwxyz
Ac-27	6.90	cdefghijklmnopq	Ac-283	4.40	uwxyz
Ac-295	6.85	cdefghijklmnopq	Ac-193	4.40	uwxyz
Ac-270	6.85	cdefghijklmnopq	Ac-242	4.35	wxyz
Ac-31	6.80	cdefghijklmnopqr	Ac-266	4.30	xyz
Ac-278	6.80	cdefghijklmnopqr	Ac-241	4.30	xyz
Ac-292	6.75	cdefghijklmnopqr	Ac-232	4.30	xyz
Ac-160	6.75	cdefghijklmnopqr	Ac-221	4.20	yz
Ac-293A	6.75	cdefghijklmnopqr	Ac-231	4.15	z
Ac-70	6.75	cdefghijklmnopqr	Ac-217	4.10	z
Ac-76	6.75	cdefghijklmnopqr	Ac-168	4.10	z
Ac-1	6.70	cdefghijklmnopqrs	Ac-243	4.05	bcdefg
Ac-30	6.70	cdefghijklmnopqrs	Ac-271	4.00	bcdefg
Ac-300	6.65	cdefghijklmnopqrst	Ac-170	4.00	bcdefg
Ac-151	6.60	cdefghijklmnopqrstu	Ac-281	3.95	cdefg
Ac-58	6.60	cdefghijklmnopqrstu	Ac-267	3.90	defg
Ac-155	6.55	cdefghijklmnopqrstuw	Ac-264	3.80	efg
Ac-261	6.50	defghijklmnopqrstuw	Ac-169	3.80	efg
Ac-164	6.50	defghijklmnopqrstuw	Ac-293B	3.70	fg
Ac-239	6.50	defghijklmnopqrstuw	Ac-213	3.65	g

3.2.7. Comparación de medias del ancho máximo de la hoja.

En la Tabla 3.14 se muestra prueba de Tukey de ancho máxima de la hoja de las 144 accesiones de quinua, donde notamos que los valores varían en el rango de 1.60 – 9.70 cm, los cuales corresponden a las accesiones 213 y 49, respectivamente. En las 6 comparaciones de medias mencionadas, no existe una clara diferencia en las respuestas, por lo que mayoría de las accesiones tienen similares magnitudes.

Tabla 3.14

Comparación de medias (Tukey, 0.05) de ancho máxima de la hoja de las 144 accesiones de quinua

Acc.	Promedio (cm)	Tukey (0.05)	Acc.	Promedio (cm)	Tukey (0.05)
Ac-49	9.70	a	Ac-155	5.40	lmnopqrstuvwxyzabcdefg
Ac-56	9.30	ab	Ac-277	5.40	lmnopqrstuvwxyzabcdefg
Ac-48	9.00	abc	Ac-215	5.40	lmnopqrstuvwxyzabcdefg
Ac-47	8.50	abcd	Ac-270	5.30	mnopqrstuvwxyzabcdefgh
Ac-159	8.30	abcde	Ac-209	5.30	mnopqrstuvwxyzabcdefgh
Ac-80	8.20	abcdef	Ac-290	5.30	mnopqrstuvwxyzabcdefgh
Ac-57	8.10	abcdefg	Ac-70	5.25	nopqrstuvwxyzabcdefghi
Ac-125	7.75	bcdefgh	Ac-160	5.25	nopqrstuvwxyzabcdefghi
Ac-72	7.75	bcdefgh	Ac-157	5.15	opqrstuvwxyzabcdefghij
Ac-25	7.75	bcdefgh	Ac-239	5.10	opqrstuvwxyzabcdefghij
Ac-153	7.70	bcdefghi	Ac-174	5.00	pqrstuvwxyzabcdefghijk
Ac-154	7.45	bcdefghij	Ac-289	5.00	pqrstuvwxyzabcdefghijk
Ac-35	7.40	bcdefghijk	Ac-275	5.00	pqrstuvwxyzabcdefghijk
Ac-86	7.40	bcdefghijk	Ac-225	4.90	qrstuvwxyzabcdefghijkl
Ac-46	7.35	cdefghijk	Ac-249	4.90	qrstuvwxyzabcdefghijkl
Ac-115	7.25	cdefghijkl	Ac-208	4.90	qrstuvwxyzabcdefghijkl
Ac-32	7.20	cdefghijklm	Ac-220	4.80	rstuvwxyzabcdefghijkl
Ac-218	7.20	cdefghijklm	Ac-261	4.80	rstuvwxyzabcdefghijkl
Ac-7	7.20	cdefghijklm	Ac-164	4.75	stuvwxyzabcdefghijkl
Ac-78	7.10	cdefghijklmn	Ac-166	4.70	stuvwxyzabcdefghijkl
Ac-27	7.10	cdefghijklmn	Ac-141	4.70	stuvwxyzabcdefghijkl
Ac-30	7.00	defghijklmno	Ac-137	4.60	tuwxyzabcdefghijklmn
Ac-262	7.00	defghijklmno	Ac-286	4.60	tuwxyzabcdefghijklmn
Ac-10	6.90	defghijklmnop	Ac-284	4.50	uwxyzabcdefghijklmno
Ac-272	6.90	defghijklmnop	Ac-238	4.50	uwxyzabcdefghijklmno
Ac-240	6.80	defghijklmnopq	Ac-138	4.50	uwxyzabcdefghijklmno
Ac-85	6.80	defghijklmnopq	Ac-163	4.50	uwxyzabcdefghijklmno
Ac-28	6.80	defghijklmnopq	Ac-212	4.45	wxyzabcdefghijklmno
Ac-253	6.80	defghijklmnopq	Ac-167	4.40	wxyzabcdefghijklmno
Ac-287	6.70	defghijklmnopqr	Ac-246	4.40	wxyzabcdefghijklmno
Ac-247	6.70	defghijklmnopqr	Ac-230	4.30	xyzabcdefghijklmno
Ac-59	6.60	defghijklmnopqrs	Ac-147	4.25	yabcdefghijklmno
Ac-129	6.50	efghijklmnopqrst	Ac-152	4.25	yabcdefghijklmno
Ac-39	6.50	efghijklmnopqrst	Ac-144	4.25	yabcdefghijklmno
Ac-76	6.50	efghijklmnopqrst	Ac-285	4.20	zabcdefghijklmno
Ac-274	6.50	efghijklmnopqrst	Ac-288	4.20	zabcdefghijklmno
Ac-67	6.50	efghijklmnopqrst	Ac-210	4.20	zabcdefghijklmno
Ac-87	6.50	efghijklmnopqrst	Ac-280	4.10	abcdefghijklmno
Ac-61	6.50	efghijklmnopqrst	Ac-219	4.10	abcdefghijklmno
Ac-248	6.50	efghijklmnopqrst	Ac-214	4.10	abcdefghijklmno
Ac-233	6.40	efghijklmnopqrstu	Ac-140	4.10	abcdefghijklmno
Ac-58	6.40	efghijklmnopqrstu	Ac-226	4.05	bcdefghijklmno
Ac-6	6.30	ghijklmnopqrstuvw	Ac-282	4.00	bcdefghijklmno
Ac-297	6.25	ghijklmnopqrstuvw	Ac-179	4.00	bcdefghijklmno
Ac-24	6.25	ghijklmnopqrstuvw	Ac-266	3.90	cdefghijklmnop
Ac-31	6.20	ghijklmnopqrstuvw	Ac-241	3.80	defghijklmnop
Ac-278	6.20	ghijklmnopqrstuvw	Ac-126	3.75	efghijklmnop
Ac-299	6.15	hijklmnopqrstuvwxy	Ac-176	3.70	efghijklmnop
Ac-151	6.15	hijklmnopqrstuvwxy	Ac-228	3.60	fghijklmnop
Ac-134	6.10	hijklmnopqrstuvwxy	Ac-242	3.50	ghijklmnopq
Ac-234	6.10	hijklmnopqrstuvwxy	Ac-227	3.50	ghijklmnopq
Ac-133	6.10	hijklmnopqrstuvwxy	Ac-146	3.50	ghijklmnopq
Ac-293A	6.00	hijklmnopqrstuvwxyza	Ac-283	3.40	hijklmnopq
Ac-1	6.00	hijklmnopqrstuvwxyza	Ac-245	3.35	ijklmnopq
Ac-14	6.00	hijklmnopqrstuvwxyza	Ac-232	3.30	jklmnopq
Ac-83	6.00	hijklmnopqrstuvwxyza	Ac-193	3.30	jklmnopq
Ac-295	6.00	hijklmnopqrstuvwxyza	Ac-162	3.25	jklmnopq
Ac-120	6.00	hijklmnopqrstuvwxyza	Ac-267	3.10	klmnopq
Ac-223	5.90	hijklmnopqrstuvwxyza	Ac-264	3.10	klmnopq
Ac-161	5.90	hijklmnopqrstuvwxyza	Ac-168	3.10	klmnopq
Ac-300	5.90	hijklmnopqrstuvwxyza	Ac-243	3.10	klmnopq
Ac-260	5.80	ijklmnopqrstuvwxyabc	Ac-217	3.10	klmnopq
Ac-292	5.75	jklmnopqrstuvwxyabc	Ac-281	3.00	lmnopq
Ac-296	5.75	jklmnopqrstuvwxyabc	Ac-271	3.00	lmnopq
Ac-41	5.75	jklmnopqrstuvwxyabc	Ac-221	3.00	lmnopq
Ac-158	5.70	jklmnopqrstuvwxyabcd	Ac-171	2.70	mnopq
Ac-9	5.60	jklmnopqrstuvwxyabcde	Ac-216	2.65	nopq
Ac-298	5.60	jklmnopqrstuvwxyabcde	Ac-169	2.60	nopq
Ac-294	5.60	jklmnopqrstuvwxyabcde	Ac-293B	2.60	nopq
Ac-279	5.60	jklmnopqrstuvwxyabcde	Ac-170	2.20	opq
Ac-148	5.50	klmnopqrstuvwxyabcdef	Ac-231	2.05	pq
Ac-291	5.50	klmnopqrstuvwxyabcdef	Ac-213	1.60	q

Tabatabaei et al., (2022) realizó un estudio de la diversidad de rasgos morfológicos en condiciones de laboratorio, almacenaron en cámara frigorífica a 2 °C y una humedad relativa del 30%. en donde las accesiones presentaron ramas primarias desde 1.5 hasta 22.5 ramas por planta.

Bhargava et al., (2007) buscaron diversidad en 12 rasgos morfológicos de la quinua, cultivados durante dos campañas y encontró un rango de 8.55 -35.74 ramas por planta.

Coincide con los resultados de Vergara et al. (2020), indicando que el número de dientes a lo largo del margen de las hojas se utilizan con mayor frecuencia para diferenciar cultivares y van desde 2 a 28 dientes por hoja. los pecíolos median de 0,5 a 3 cm de largo, las hojas de 4,6 a 7,9 cm de largo y de 4,6 a 7,2 cm de ancho.

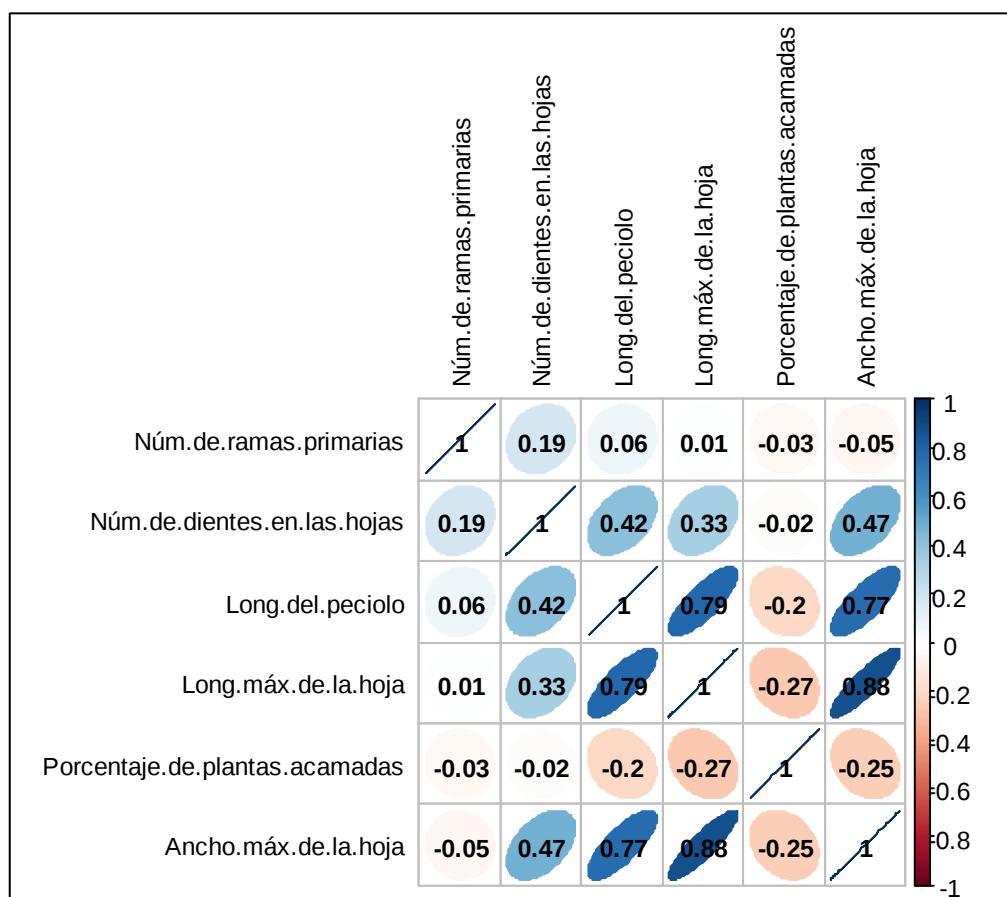
Castro et al. (2023) lograron identificar accesiones de quinua que presentaron un ancho máximo de hoja dentro de un rango que varía desde 5.78 cm hasta 9.25 cm. Este intervalo refleja la diversidad morfológica existente entre las diferentes accesiones evaluadas, lo cual es indicativo de las variaciones genéticas y ambientales que influyen en las características fenotípicas de la especie.

3.2.8. *Correlación de los variables cuantitativas*

En la Figura 3.21 se muestra los coeficientes de correlación de las variables cuantitativas, donde notamos alta correlación entre ancho máxima de la hoja con longitud de peciolo y longitud máxima de la hoja, 0.77 y 0.85, respectivamente. Los coeficientes positivos significan la influencia positiva y directa de uno en el otro; mientras, los negativos indican una relación indirecta.

Figura 3.21

Coefficiente de correlación de las variables cuantitativas de quinua



3.3. Análisis de estandarización de perfil térmico PCR para marcador Indel

3.3.1. Control de calidad de extracción de ADN con los tres protocolos en una muestra de las accesiones de quinua.

En la Figura 3.22 y Tabla 3.15 se presentan los resultados de la calidad de ADN por densitometría en gel de agarosa al 2% y electroforesis horizontal. Se muestra la cantidad de ADN de las 10 accesiones de quinua realizado por espectrofotometría, reportando concentraciones en el rango de 99.7 – 283.8 ng/uL y una absorbancia (A260/A280) de 1.88 – 2.05 los cuales indican que se encuentran en el rango óptimo categorizado como ADN de buena calidad.

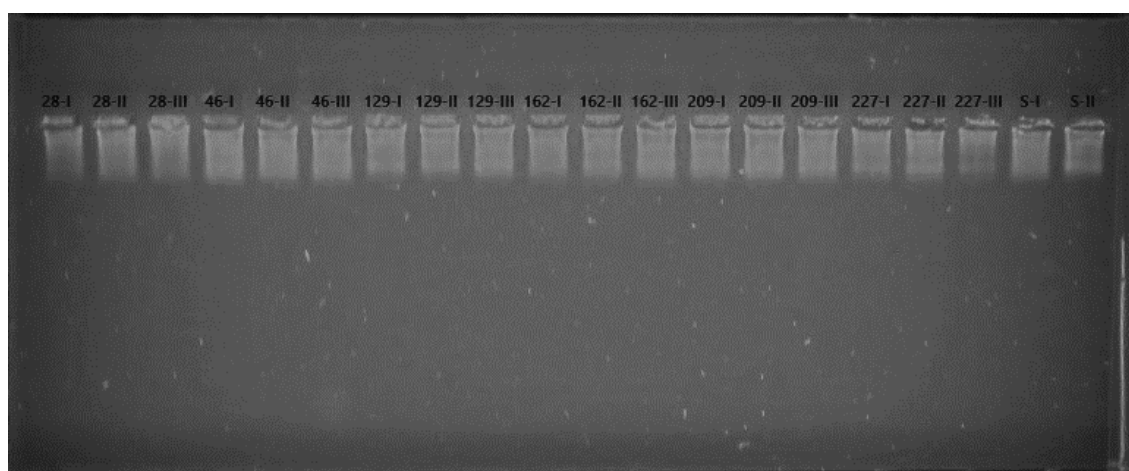
Tabla 3.15

Resultados de cantidad (ng/uL) y calidad de ADN de quinua (A260/A280) por espectrofotometría

N°	Muestra	[ADN] ng/UL	A260/A280 1.8-2.0
1	46	136.3	1.8
2	129	187.5	2.5
3	144	141.3	2.0
4	167	99.7	1.87
5	225	99.3	2.0
6	228	125.3	1.9
7	216	103.3	2.0
8	281	99.1	2.0
9	285	283.8	2.1
10	SIL	270	2.1

Figura 3.22

Fotodocumentación de la integridad del ADN mediante electroforesis en gel de agarosa al 2 % a 90 V por 60 minutos



3.3.2. Estandarización de PCR punto final con gradiente de temperaturas

Se probó el perfil térmico con gradiente de temperaturas aproximándonos a la temperatura de annealing seguido por (Zhang, 2017), desde 52.9 °C hasta 63 °C en 10 muestras de ADN de *Chenopodium quinoa* W.

En la Figura 3.23 y Figura 3.24 se muestran las fotodocumentaciones del PCR con el perfil térmico utilizando los primers JAAS 14 y JAAS 67. Ambas reacciones funcionaron bien en el rango de 58 °C a 61,4 °C, pero JAAS14 también mostró buena amplificación a temperaturas más bajas.

El primer JAAS14 es más específico que JAAS67 para estas muestras y condiciones, ya que genera bandas más claras y consistentes de las muestras de quinua a través de un rango de temperaturas de hibridación (52,9 °C a 61,4 °C).

En ambos geles, el control negativo no presenta ninguna banda, lo que es ideal y confirma la ausencia de contaminación en las reacciones de PCR.

Las accesiones con bandas más tenues o sin bandas podrían requerir ajustes en las condiciones de PCR o podrían no tener el marcador InDel.

Figura 3.23

Fotodocumentación de la amplificación de PCR para el primer JAAS 14 en 10 accesiones de quinua (167, 216, 285, 46, 129, 144, 225, 228, 287 y Silvestre) en gel de agarosa al 3% durante 60 min a 100 V. -C: control

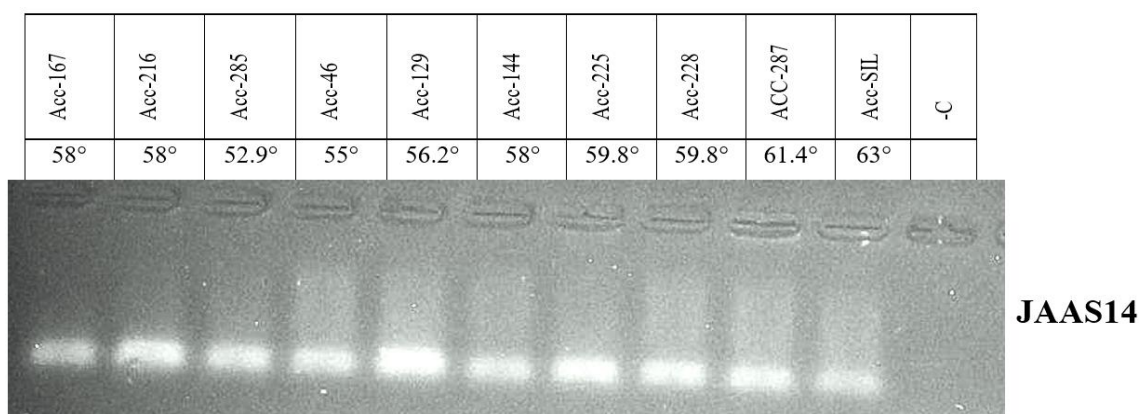
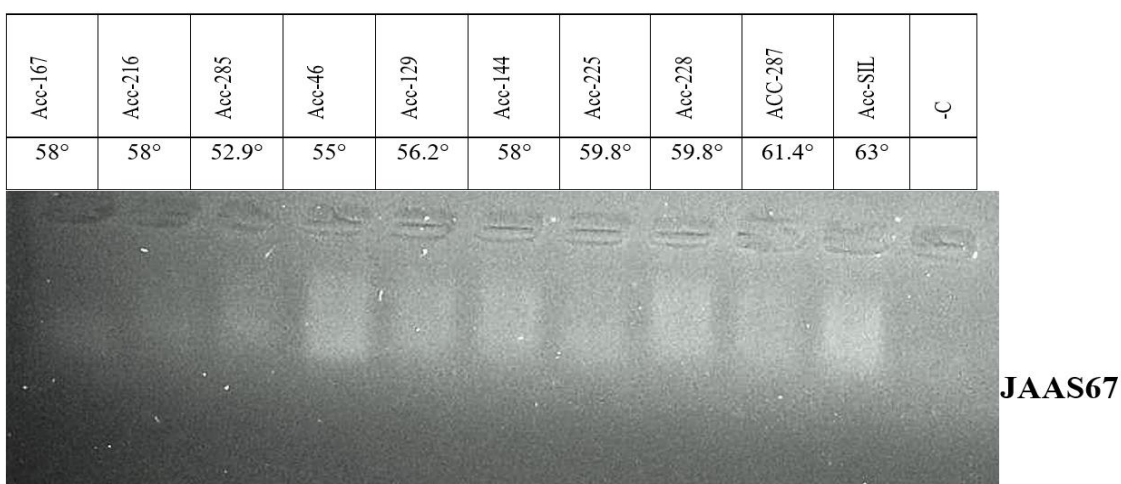


Figura 3.24

Fotodocumentación de la amplificación de PCR para el primer JAAS 67 en 10 accesiones de quinua (167, 216, 285, 46, 129, 144, 225, 228, 287 y Silvestre) en gel de agarosa al 3% durante 60 min a 100 V. -C: control



Emrani et al. (2020) utilizó marcadores Indel para examinar plantas F1, porque se puede visualizar rápidamente en un gel de agarosa, mediante PCR en donde las condiciones de fueron amplificación: 94 °C durante 5 min como desnaturalización inicial, 35 ciclos de: 30 s a 94 °C, 30 s a la temperatura de hibridación del par de cebadores y 30 s a 72 °C y un paso de extensión final de 10 min a 72 °C, en donde se muestran dos bandas en gel de agarosa al 3% durante 60 minutos a 100V.

La caracterización cualitativa en conjunto con variables moleculares hace posible un buen análisis de asociación y ofrece mayor información para conocer la diversidad que presenta un banco de germoplasma. pues la evaluación de la variabilidad genética es directamente con el ADN, por lo que el ambiente no afecta su expresión (Allende, 2017).

Coles et al. (2005) realizó una investigación en cinco accesiones de quinua; en donde desarrollaron etiquetas secuenciadas expresadas (ETS) en donde se revelaron 38 cambios en una sola base SNP y 13 Indels en 20 secuencias ETS, lo que evidencia un promedio de 1 SNP por 462 bases y 1 InDel por 1812 bases.

Hasta la actualidad existen numerosos estudios de variabilidad a nivel de caracterización molecular de diferentes bancos de germoplasma de quinua en Perú utilizando diversos marcadores moleculares que se basan en el PCR. Utilizando RAPD, FLP, SNP, microsatélites o SSR (Allende, 2017). Para utilizar estas técnicas moleculares en estudios de diversidad genética y selección, es fundamental que sean económicas, confiables y fáciles de evaluar. En este contexto, el marcador Indel cumple con estas características.

CONCLUSIONES

1. Se evaluó la variabilidad fenotípica de 144 accesiones de quinua según características agromorfológicas, agrupadas en 7 grupos con un 18% de similitud. Se identificaron subgrupos en tallo, ramificación, hoja, inflorescencia, grano y caracteres vegetativos. El ancho máximo de la hoja (C19) contribuyó con un 43.4% de la variabilidad, mientras que la forma del tallo principal (C4) tuvo la menor contribución. Las variables cuantitativas analizadas fueron estadísticamente significativas, con coeficientes de variación entre 8.79-13.48%.
2. El protocolo estandarizado PCR para el primer JAAS14 y JAAS67 que amplifican marcador InDel fueron las siguientes: desnaturalización inicial a 95 °C durante 3 minutos, seguida de 38 ciclos compuestos por desnaturalización a 95 °C durante 40 segundos, alineamiento de los cebadores a una temperatura de hibridación entre 58 °C y 61.4 °C (correspondiente a la temperatura de fusión o T_m de los primers) durante 40 segundos, y extensión a 72 °C durante 40 segundos. Para finalizar, se realizó una extensión final de 5 minutos a 72 °C. El primer JAAS14 generó una amplificación más eficiente o específica en comparación con JAAS67.

RECOMENDACIONES

- Continuar caracterizando el banco en diferentes zonas geográficas.
- Tomar en cuenta estos resultados obtenidos en el presente trabajo de investigación a fin de seleccionar líneas promisorias con características deseables y realizar cruzamientos.
- Utilizar el perfil térmico estandarizado en las 144 accesiones de quinua utilizando el primer JAAS 14.
- Optimizar las condiciones de PCR de los reactivos utilizados en el Master Mix y reajustar las temperaturas teniendo referencia las temperaturas estandarizadas utilizando el JAAS 67.
- Realizar la electroforesis para la visualización de banda para marcador InDel en las muestras de quinua en gel a mayor concentración y por un tiempo mayor al que se realizó en este trabajo.
- Realizar caracterización molecular del banco de germoplasma de Laboratorio de Genética y Biotecnología Vegetal-UNSCH-FCA.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Alfaro Mendivil, E. (2013). Establecimiento del Banco Regional de Germoplasma y caracterización fenotípica de accesiones de quinua (*Chenopodium quinoa* Willd.) Ayacucho [Universidad Nacional de San Cristóbal de Huamanga]. <http://repositorio.unsch.edu.pe/handle/UNSCH/2008>
- Allende Ciballero, M. (2017). Caracterización morfológica y molecular de accesiones de quinua (*Chenopodium Quinoa* Willd.) para estimar variabilidad genética. [Tesis para optar el grado de Magister Scientiae, Universidad Nacional Agraria La Molina]. <https://repositorio.lamolina.edu.pe/bitstream/handle/20.500.12996/2935/F30-A44-T.pdf?sequence=1&isAllowed=y>
- Apaza, V., Cáceres, G., Estrada, R., & Pinedo, R. (2013). Catálogo de Variedades Comerciales de Quinua en el Perú. In Catálogo De Variedades Comerciales De Quinua En El Perú (Vol. 1st). <http://www.fao.org/3/a-as890s.pdf>
- Bacchetta, G., Bueno Sánchez, Á., Fenu, G., Jiménez, B., Mattana, E., Piotto, B., & Virevaire, M. (2008a). Conservación ex situ de plantas silvestres. (Issue June 2015). <https://www.researchgate.net/publication/279061271>
- Bhargava, A., Shukla, S., & Ohri, D. (2007). Gynomonoecy in *Chenopodium quinoa* (Chenopodiaceae): Variation in inflorescence and floral types in some accessions. *Biologia*, 62(1), 19–23. <https://doi.org/10.2478/s11756-007-0001-z>
- Bhargava, A., Shukla, S., Rajan, S., & Ohri, D. (2007). Genetic Diversity for Morphological and Quality Traits in Quinoa (*Chenopodium quinoa* Willd.) Germplasm. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 54(1), 167–173. <https://doi.org/10.1007/s10722-005-3011-0>
- Brookes, A. J. (1999). The essence of SNPs. *Gene*, 234(2), 177–186. [https://doi.org/10.1016/S0378-1119\(99\)00219-X](https://doi.org/10.1016/S0378-1119(99)00219-X)
- Campos, J., Acosta, K., & Paucar, L. M. (2022). Quinoa (*Chenopodium quinoa*): Nutritional composition and bioactive compounds of grain and leaf, and impact of heat treatment and germination. *Scientia Agropecuaria*, 13(3), 209–220. <https://doi.org/10.17268/sci.agropecu.2022.019>
- Castro, H., Castro, R. del P., & Alvarado, Y. (2023). Variabilidad morfoagronómica de quinua (*Chenopodium quinoa* Willd.) nativa tipo Chimborazo en Ecuador. *Agronomía Mesoamericana*, 34(3), 1–18. <https://doi.org/10.15517/am.2023.53229>

- Ccoyllar, K., Zaravia, A., Lozano, A., & Cornejo, J. (2021). Vulnerability of quinoa (*Chenopodium quinoa* Willd) to environmental stress events in the high Andean regions of Peru. *Scientia Agropecuaria*, 12(4), 589–597. <https://doi.org/10.17268/sci.agropecu.2021.063>
- Coles, N. D., Coleman, C. E., Christensen, S. A., Jellen, E. N., Stevens, M. R., Bonifacio, A., Rojas-Beltran, J. A., Fairbanks, D. J., & Maughan, P. J. (2005). Development and use of an expressed sequenced tag library in quinoa (*Chenopodium quinoa* Willd.) for the discovery of single nucleotide polymorphisms. *Plant Science*, 168(2), 439–447. <https://doi.org/10.1016/j.plantsci.2004.09.007>
- Emrani, N., Hasler, M., Patiranage, D. S. R., Nathaly, M. T., Rey, E., & Jung, C. (2020). An efficient method to produce segregating populations in quinoa (*Chenopodium quinoa*). *Plant Breeding*, 139(6), 1190–1200. <https://doi.org/10.1111/pbr.12873>
- Fernandes, D. (2009). Identificação e validação de marcadores moleculares indel e SNP para lipoxigenases de sementes da soja. Universidade Federal de Viçosa, 1–65. [https://www.locus.ufv.br/bitstream/123456789/2411/1/texto completo.pdf](https://www.locus.ufv.br/bitstream/123456789/2411/1/texto%20completo.pdf)
- Fierro, F. F. (2014). Electroforesis de ADN. Herramientas Moleculares Aplicadas En Ecología: Aspectos Teóricos y Prácticos, 27–52.
- Fuentes, F. F., Maughan, P. J., & Jellen, E. R. (2009). Diversidad genética y recursos geneticos para el mejoramiento de la quinoa (*Chenopodium quinoa* Willd).
- Gómez, L. (2015). Mejoramiento de quinua. In Kevin Murphy & J. Matanguiha (Eds.), *Quinoa: Improvement and Sustainable Production* (1st ed., pp. 87–95). <https://doi.org/10.1002/9781118628041>
- Gómez, L., & Aguilar, E. (2016). Guía de cultivo de la quinua. In *Angewandte Chemie International Edition*, 6(11), 951–952. (FAO y Univ, Vol. 1, Issue April).
- Gonzáles, J., Eisa, S., Hussion, S., & Prado, F. (2015). Quinoa: An Incan Crop to Face Global Changes in Agriculture. In K. Murphy & J. Matanguihan (Eds.), *Quinoa Improvement and Sustainable Production* (pp. 1–249). Wiley. <https://doi.org/10.1002/9781118628041>
- Hai, Y., Daming, Z., & Zhang, Y. (2018). Un algoritmo de detección mejorado para las variaciones de Indel basadas en lecturas de secuencia de alto rendimiento. *Investigación Clínica*, 59(3), 21. <https://go.gale.com/ps/i.do?id=GALE%7CA625790597&sid=googleScholar&v=2.1&it=r&linkaccess=abs&issn=05355133&p=IFME&sw=w&userGroupName=anon~60e1a4ae&aty=open-web-entry>
- Hong, S. Y., Cheon, K. S., Yoo, K. O., Lee, H. O., Mekapogu, M., & Cho, K. S. (2019). Comparative analysis of the complete chloroplast genome sequences of three

- Amaranthus species. *Plant Genetic Resources: Characterisation and Utilisation*, 17(3), 245–254. <https://doi.org/10.1017/S1479262118000485>
- Huayta, A., Huanca, N., Marza, F., & Veramendi, S. (2021). Diversidad fenotípica y genotípica de 50 nuevas accesiones de quinua (*Chenopodium quinoa Willd.*), del Banco de Germoplasma de Granos Altoandinos. [Universidad Pública de El Alto]. [https://www.proinpa.org/publico/video/Postulantes Premio Antonio Gandarillas Final/Abigail Huayta/TESIS_Diversidad fenot%EDpica y genot%EDpica de 50 nuevas accesiones de quinua.pdf](https://www.proinpa.org/publico/video/Postulantes_Premio_Antonio_Gandarillas_Final/Abigail_Huayta/TESIS_Diversidad_fenot%EDpica_y_genot%EDpica_de_50_nuevas_accesiones_de_quinoa.pdf)
- Infante R., H., Albesiano, S., Arrieta V., L., & Gómez V., N. (2018). Morphological characterization of varieties of *Chenopodium quinoa* cultivated in the department of Boyacá, Colombia. *Revista U.D.C.A Actualidad & Divulgación Científica*, 21(2), 329–339. <https://doi.org/10.31910/rudca.v21.n2.2018.977>
- Innovate Genomics Institute. (2024). Indel - Innovative Genomics Institute (IGI). <https://doi.org/https://innovativegenomics.org/glossary/indel/>
- Kolano, B., Siwinska, D., Gomez Pando, L., Szymanowska-Pulka, J., & Maluszynska, J. (2012). Genome size variation in *Chenopodium quinoa* (Chenopodiaceae). *Plant Systematics and Evolution*, 298(1), 251–255. <https://doi.org/10.1007/s00606-011-0534-z>
- León, P. (2020). Caracterización morfológica y componentes de rendimiento de cien accesiones de quinua (*Chenopodium quinoa Willd.*) procedentes de cuatro regiones del país. [UNIVERSIDAD NACIONAL DEL CENTRO DEL PERÚ]. https://alicia.concytec.gob.pe/vufind/Record/UNCP_46f829a701ce7a31c02a2336283d6071/Details
- Li, X., Gao, W., Guo, H., Zhang, X., Fang, D. D., & Lin, Z. (2014). Development of EST-based SNP and InDel markers and their utilization in tetraploid cotton genetic mapping. *BMC Genomics*, 15(1), 1046. <https://doi.org/10.1186/1471-2164-15-1046>
- Martínez, E. M. (2019). El deterioro de los Bancos de Germoplasma no es un cuento. *Desde El Herbario CICY*, 11(126), 126–129. http://www.cicy.mx/sitios/desde_herbario/
- Maughan, P. J., Kolano, B. A., Maluszynska, J., Coles, N. D., Bonifacio, A., Rojas, J., Coleman, C. E., Stevens, M. R., Fairbanks, D. J., Parkinson, S. E., & Jellen, E. N. (2006). Molecular and cytological characterization of ribosomal RNA genes in *Chenopodium quinoa* and *Chenopodium berlandieri*. *Genome*, 49(7), 825–839. <https://doi.org/10.1139/G06-033>

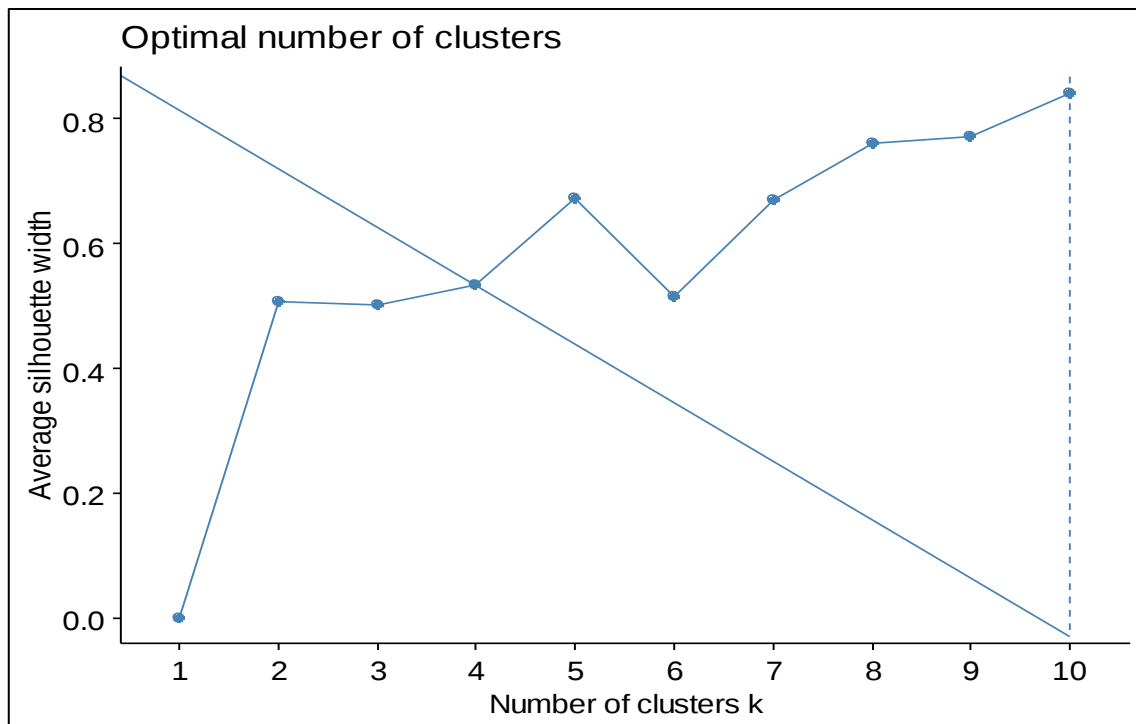
- Mayta, J. (2021). Progenies autofecundadas S5 de la quinua: un estudio de características agromorfológicas y moleculares. [UNIVERSIDADE DO CONTESTADO]. <https://uni-contestado-site.s3.amazonaws.com/site/biblioteca/ebook/Julio-PROGENIES-AUTOFECUNDADAS-S5-DE-LA-QUINUA.pdf>
- Mina, A. C. (2018). Evaluación de las propiedades funcionales de concentrados proteicos de hoja de quinua (*Chenopodium quinoa* Willd) variedad INIAP-Tunkahuan obtenidos con ods procedimientos de extracción. [UNIVERSIDAD CENTRAL DEL ECUADOR]. In *FACULTAD DE CIENCIAS QUIMICAS Carrera de química de alimentos* (Vol. 151, Issue 2). <http://www.dspace.uce.edu.ec/bitstream/25000/16606/1/T-UCE-0008-CQU-041.pdf>
- Ministerio de Desarrollo Agrario y Riego (MIDAGRI). (2023). Pronóstico de producción de quinua al 2023. [https://repositorio.midagri.gob.pe/bitstream/20.500.13036/1460/1/Pronóstico de producción de quinua al 2023.pdf](https://repositorio.midagri.gob.pe/bitstream/20.500.13036/1460/1/Pronóstico-de-producción-de-quinua-al-2023.pdf).
- Mujica, A., & Jacobsen, S. (2006). La quinua (*Chenopodium quinoa* Willd.) y sus parientes silvestres. *Otánica Económica de Los Andes Centrales*, 449–457. <https://www.beisa.dk/Publications/BEISA-Book-pdf/Capitulo-27.pdf>
- Patiranage, D. S. R., Rey, E., Emrani, N., Wellman, G., Schmid, K., Schmöckel, S. M., Tester, M., & Jung, C. (2022). Genome-wide association study in quinoa reveals selection pattern typical for crops with a short breeding history. *ELife*, 11, 1–22. <https://doi.org/10.7554/elife.66873>
- Peterson, A., Jacobsen, S. E., Bonifacio, A., & Murphy, K. (2015). A crossing method for Quinoa. *Sustainability (Switzerland)*, 7(3), 3230–3243. <https://doi.org/10.3390/su7033230>
- Pickersgill, B. (2007). Domestication of Plants in the Americas: Insights from Mendelian and Molecular Genetics. *Annals of Botany*, 100(5), 925–940. <https://doi.org/10.1093/aob/mcm193>
- Quinoa y sus parientes silvestres*. (n.d.).
- Ramírez, J., Chavez, L., & Guzmán, S. (2014). Microarreglos de DNA: Fabricación Proceso y Análisis. In *Herramientas moleculares aplicadas en ecología: aspectos teóricos y prácticos* (Vol. 1, Issue July). <https://www.researchgate.net/publication/296695965>
- Rodríguez, I., & Barrera, H. (2004). La reacción en cadena de la polimerasa a dos décadas de su invención. *Ciencia UANL*, VII, 323–335. <http://eprints.uanl.mx/1584/>

- Rojas, A. C. (2021). Caracterización fenotípica de 402 accesiones de Quinoa (*Chenopodium quinoa* Willd.) en condiciones de La Molina – Lima. [Tesis para optar el título de Ingeniera Agrónoma, Universidad Nacional Agraria La Molina (UNALM)]. <https://hdl.handle.net/20.500.12996/4804>
- Rojas, W., Pinto, M., Alanoca, C., Gómez, L., Lobos, P. L., Alercia, A., Diulgheroff, S., Padulosi, S., & Bazile, D. (2014). Estado de la conservación ex situ de los recursos genéticos de Quinoa. FAO (Santiago de Chile) y CIRAD, 978-92-5-308558-3, 65–94. <https://hdl.handle.net/10568/70603>
- Tabatabaei, I., Alseekh, S., Shahid, M., Leniak, E., Wagne, M., & Mahmoudi, H. (2022). The diversity of quinoa morphological traits and seed metabolic composition. *Sci Data*, 9(323), 2–7. <https://doi.org/10.1038/s41597-022-01399-y>
- Templeton, N. S. (1992). The Polymerase Chain Reaction History Methods, and Applications. *Diagnostic Molecular Pathology*, 1(1), 58–72. <https://doi.org/10.1097/00019606-199203000-00008>
- Vargas, P., Arteaga, R., & Cruz, L. (2019). Análisis Bibliográfico Sobre El Potencial Nutricional De La Quinoa () como Alimento Funcional. *Revista Centro Azúcar*, 46, 89–100. <http://scielo.sld.cu/pdf/caz/v46n4/2223-4861-caz-46-04-89.pdf>
- Vergara, R. de O., Martins, A. B., Soares, V. N., Carvalho, I. R., Barbosa, M. H., Conte, G. G., Gadotti, G. I., Ludke, R., & Villela, F. A. (2020). Agronomic and morphological characteristics of quinoa grown in the southern region of Rio Grande do Sul State. *Revista Brasileira de Engenharia e Sustentabilidade*, 8(1), 18. <https://doi.org/10.15210/rbes.v8i1.18315>
- Villegas, V., Sánchez, M., & Chuaire, L. (2009). Reacción en cadena de la polimerasa y diagnóstico molecular. *Colombia Medica*, 40(3), 347–352. http://www.scielo.org.co/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S1657-95342009000300011&lng=en&tlng=es.%0A
- Yang, J., He, J., Wang, D., Shi, E., Yang, W., Geng, Q., & Wang, Z. (2016). Progress in research and application of InDel markers. *Biodiversity Science*, 24(2), 237–243. <https://doi.org/10.17520/biods.2015205>
- Zhang, T., Gu, M., Liu, Y., Lv, Y., Zhou, L., Lu, H., Liang, S., Bao, H., & Zhao, H. (2017). Development of novel InDel markers and genetic diversity in *Chenopodium quinoa* through whole-genome re-sequencing. *BMC Genomics*, 18(1). <https://doi.org/10.1186/s12864-017-4093-8>

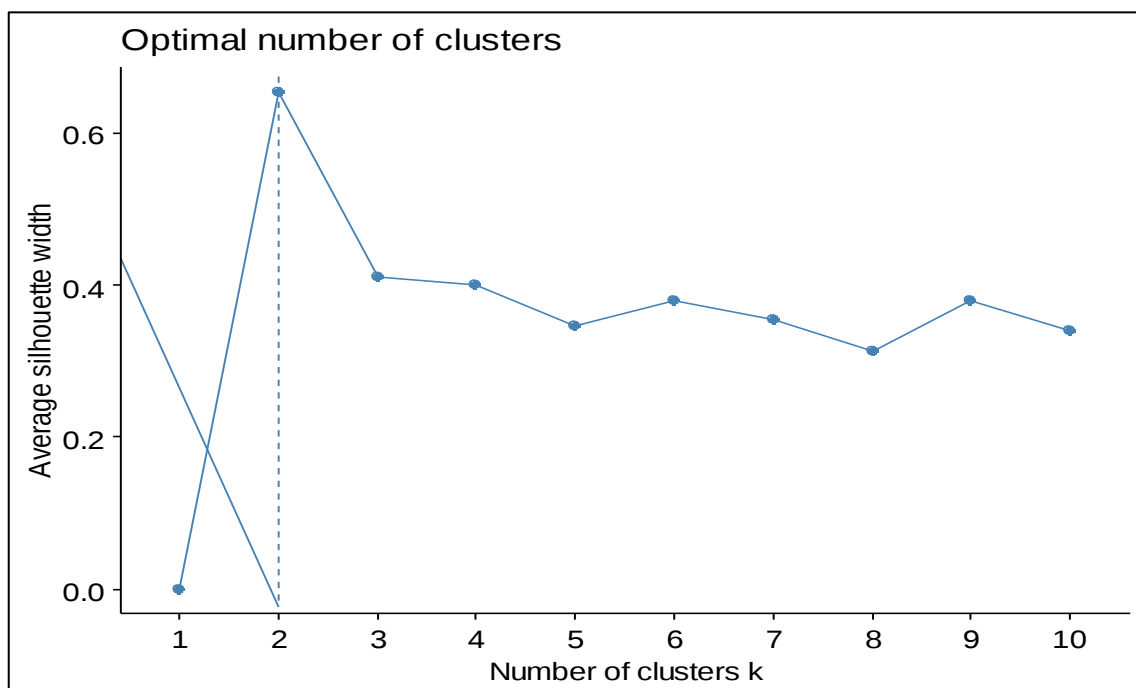
ANEXOS

Anexo 1. Índice del método de silueta para determinación de número adecuado de agrupamiento clústeres

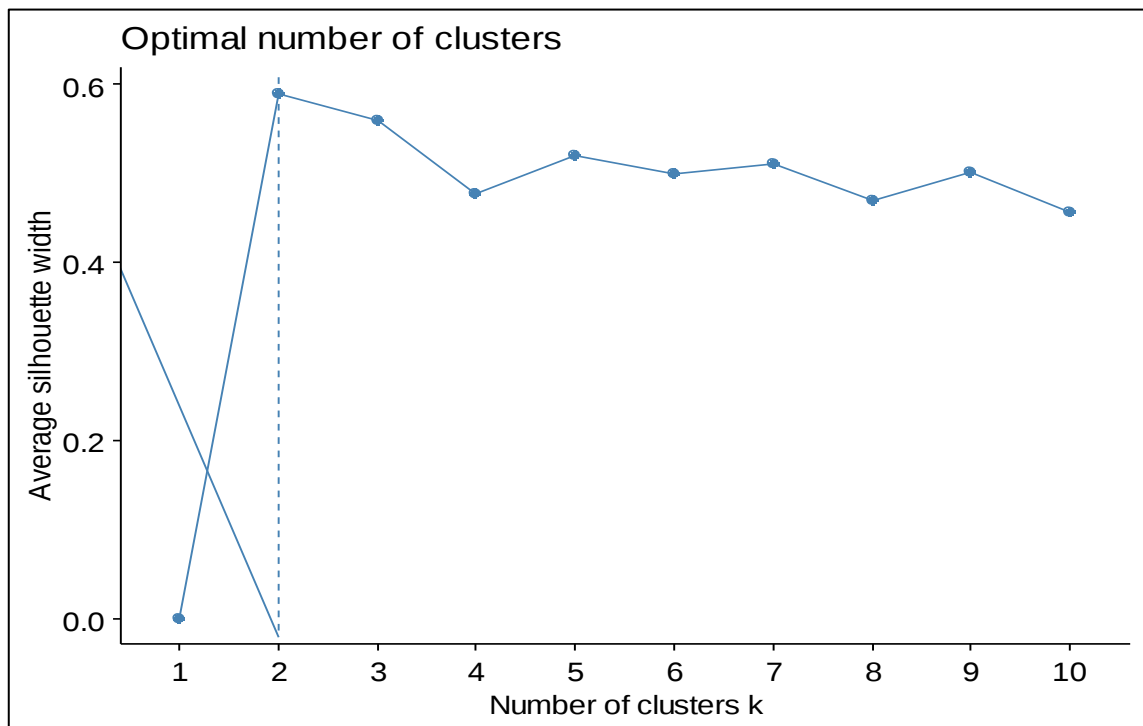
a. Para caracteres de la planta



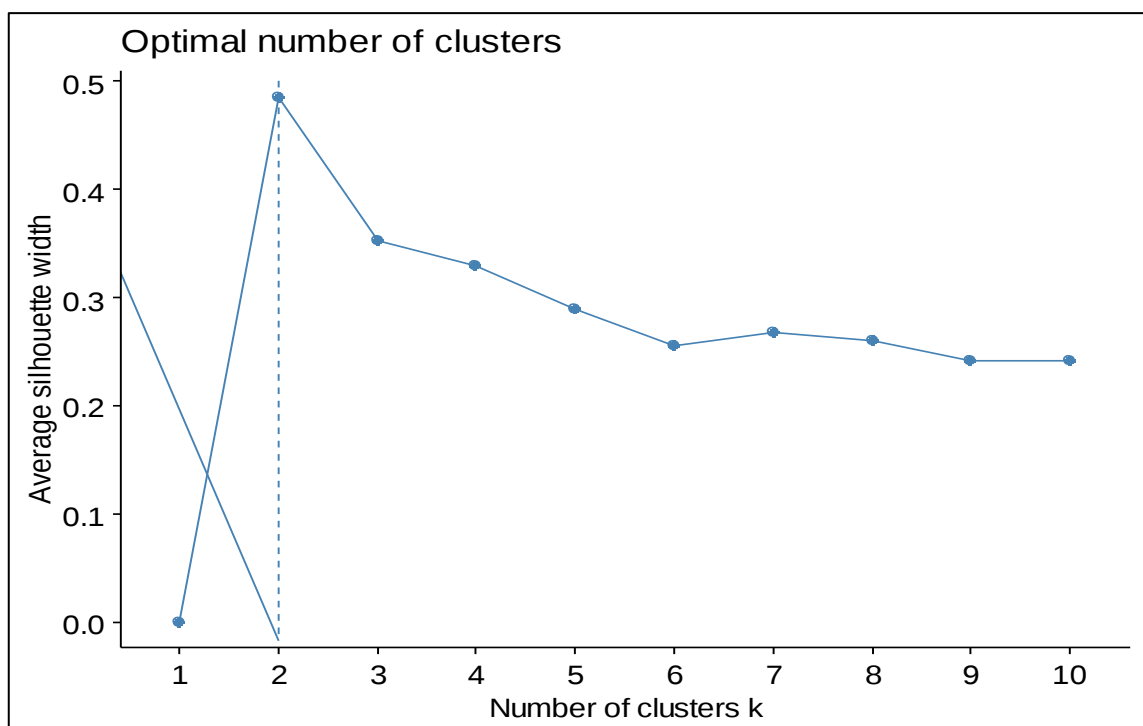
b. Para caracteres de tallo



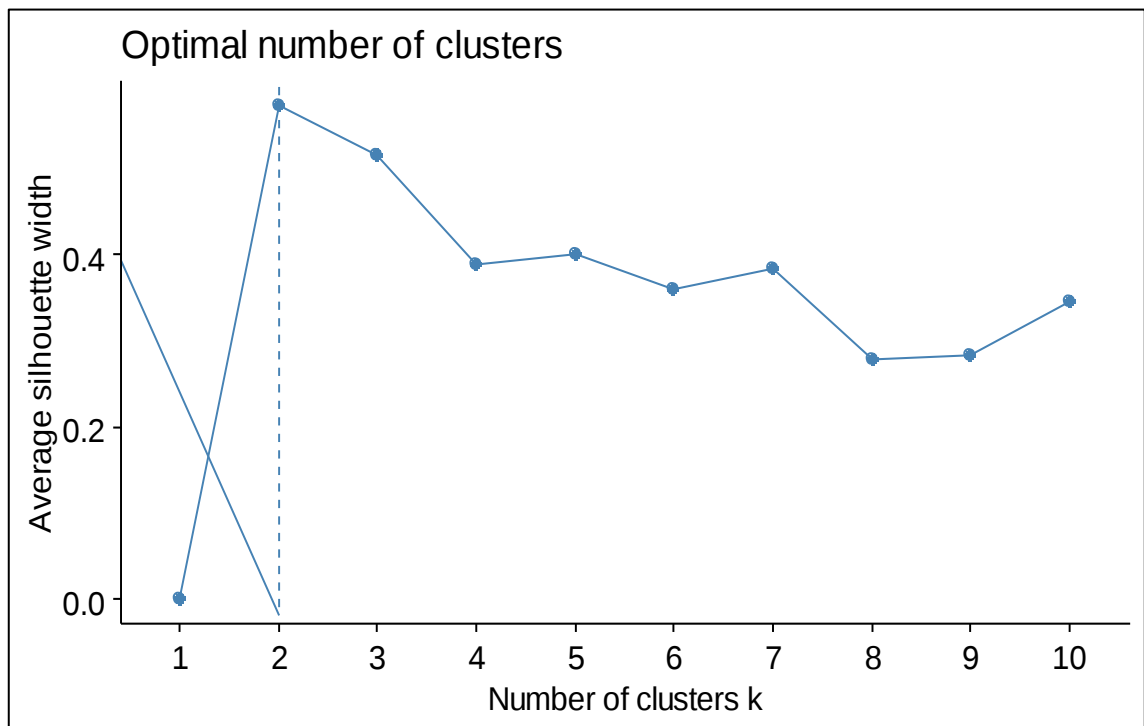
c. Ramificación de la planta



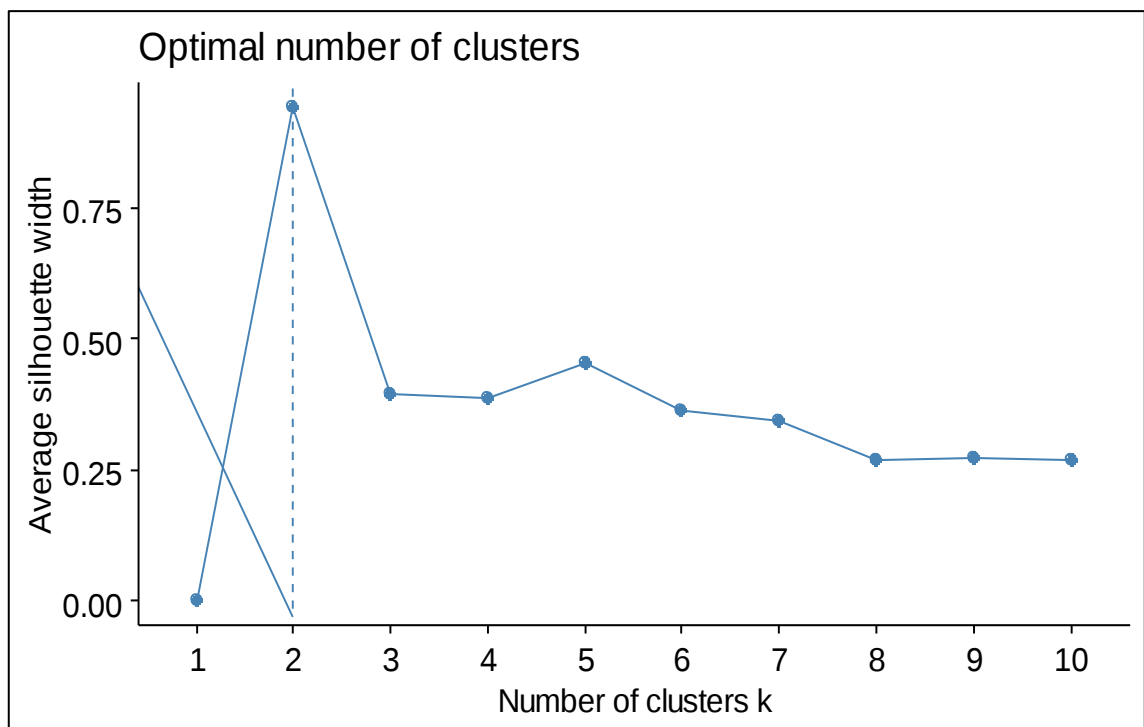
d. Hojas



e. Inflorescencia



f. Granos



Anexo 2. Anova del ancho máximo de la hoja

```
Response: rdt
      Df Sum Sq Mean Sq F value    Pr(>F)
rep      1    1.61   1.6095    6.9196 0.009634 **
trat.unadj 143 728.70   5.0958   21.9079 < 2.2e-16 ***
bloq/rep   22    7.15   0.3252    1.3979 0.128778
Residual  121   28.14   0.2326

---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

> model2$statistics #para ver estadísticos
      Efficiency      Mean      CV
0.8666667 5.375521 8.971929
```

Anexo 3. Anova de la longitud máxima de la hoja

```
Response: rdt
      Df Sum Sq Mean Sq F value    Pr(>F)
rep      1    2.07   2.0689    6.6852 0.01091 *
trat.unadj 143 523.05   3.6577   11.8191 < 2e-16 ***
bloq/rep   22    7.14   0.3246    1.0488 0.41240
Residual  121   37.45   0.3095

---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

> model2$statistics #para ver estadísticos
      Efficiency      Mean      CV
0.8666667 6.324896 8.795479
```

Anexo 4. Anova de numero de dientes por hoja

```
Response: rdt
      Df Sum Sq Mean Sq F value    Pr(>F)
rep      1    3.3    3.294    1.9718 0.1628
trat.unadj 143 6999.4   48.947   29.3013 <2e-16 ***
bloq/rep   22   30.9    1.407    0.8421 0.6685
Residual  121   202.1    1.670

---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

> model2$statistics #para ver estadísticos
      Efficiency      Mean      CV
0.8666667 9.587361 13.48089
```

Anexo 5. Anova de la longitud del peciolo

```
Response: rdt
      Df Sum Sq Mean Sq F value    Pr(>F)
rep      1    2.61   2.60681  13.4268 0.0003694 ***
trat.unadj 143 341.99   2.39153  12.3180 < 2.2e-16 ***
bloq/rep   22   11.41   0.51863   2.6713 0.0003472 ***
Residual  121   23.49   0.19415

---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

> model2$statistics #para ver estadísticos
      Efficiency      Mean      CV
0.8666667 4.273611 10.31034
```

Anexo 6. Anova de número de plantas acamadas

```
Response: rdt
      Df Sum Sq Mean Sq F value    Pr(>F)
rep      1    679   679.45  12.3392 0.0006244 ***
trat.unadj 143 38981   272.59   4.9504 < 2.2e-16 ***
bloq/rep   22   2273   103.32   1.8763 0.0167944 *
Residual  121   6663    55.06
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

> model2$statistics #para ver estadísticas
      Efficiency      Mean      CV
0.8666667 16.40333 45.23811
```



Anexo 7. Anova del número de ramas primarias

```
Response: rdt
      Df Sum Sq Mean Sq F value    Pr(>F)
rep      1  117.6  117.556  19.9413 1.806e-05 ***
trat.unadj 143 7262.5   50.787   8.6151 < 2.2e-16 ***
bloq/rep   22   628.1   28.552   4.8433 6.725e-09 ***
Residual  121   713.3    5.895
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

> model2$statistics #para ver estadísticas
      Efficiency      Mean      CV
0.8666667 16.70833 14.53155
```



Anexo 8. Matriz de datos cuantitativos y cualitativos de caracterización de las 144 accesiones de quinua

Trt.	Ac.	PLANTA			TALLO							RAMIFIC.			HOJA								INFLORESCENCIA					GRANOS								
		Densidad de Siembra	Tipo de Crecimiento	Habito de Crecimiento	Forma del tallo Principal	Color de tallo principal	presencia de axilas pigmentadas	Presencia de estrias	Color de estrias	porcentaje de plantas acamadas	Fase fenologica	Presencia de ramificación	Numero de ramas primarias	Posicion de ramas primarias	Forma de hoja	Borde(margen) de las hojas	Numero de dientes en las hojas	Longitud del peciolo (cm)	Longitud maxima de la hoja (cm)	Ancho maxima de la hoja (cm)	Color del peciolo	Color de lamina foliar	color de granulos en hojas	Presencia de androsterilidad	Color de la panoja a la floracion	color de la panoja a la madurez fisiologica	forma de la panoja	densidad de la panoja	Grado de dehiscencia	Aspecto del perigonio	color de perigonio	Aspecto del pericarpio	color de pericarpio	Apariencia del episperma	Color de episperma	Forma de grano
		C1	C2	C3	C4	C5	C6	C7	C8	C9	C10	C11	C12	C13	C14	C15	C16	C17	C18	C19	C20	C21	C22	C23	C24	C25	C26	C27	C28	C29	C30	C31	C32	C33	C34	C35
T1	Ac-1	3	1	3	2	2	1	1	1	3.8	MF	0	15.8	1	1	2	16.4	4.6	6.7	6.0	1	2	0	0	2	6	2	3	1	1	4	2	1	2	2	3
T2	Ac-6	5	1	1	2	4	1	1	1	10.1	MF	0	13.7	1	1	2	15.0	4.2	7.4	6.3	1	1	0	0	2	6	1	2	1	1	9	2	3	2	3	2
T3	Ac-7	7	1	1	2	4	0	1	1	1.0	MF	0	16.3	1	1	2	9.7	4.7	7.8	7.2	1	1	0	0	2	6	1	2	1	1	3	2	2	2	3	2
T4	Ac-9	7	1	1	1	2	1	1	4	0.0	MF	0	10.4	1	1	2	8.6	4.8	7.2	5.6	2	2	0	0	2	3	1	1	2	2	3	1	6	2	6	2
T5	Ac-10	5	1	3	2	4	0	1	1	20.0	MF	0	19.3	1	1	2	8.2	4.9	7.7	6.9	1	1	0	0	2	6	1	1	1	1	3	2	3	2	3	3
T6	Ac-14	5	1	3	1	5	1	1	4	10.0	MF	0	13.3	1	2	3	16.2	4.8	5.9	6.0	2	2	3	0	2	4	1	2	1	1	3	1	7	2	5	2
T7	Ac-24	5	2	1	2	10	1	1	2	5.0	MF	0	7.5	1	2	2	5.0	6.3	7.0	6.3	1	1	1	0	2	11	1	2	1	1	6	1	2	2	7	3
T8	Ac-25	5	2	4	1	1	1	1	1	0.0	MF	0	12.5	2	2	2	5.0	4.3	7.8	7.8	1	1	1	0	1	1	3	2	1	1	3	2	1	1	2	2
T9	Ac-27	5	1	1	2	1	1	1	1	10.0	MF	0	4.7	1	2	3	18.3	4.6	6.9	7.1	1	1	0	0	1	1	2	3	2	2	2	2	1	2	2	2
T10	Ac-28	5	1	3	2	4	2	1	3	3.0	MF	0	21.1	1	2	3	21.7	4.9	7.6	6.8	2	2	0	0	3	4	1	2	1	1	6	2	1	2	2	2
T11	Ac-30	3	1	3	2	5	1	1	1	10.0	MF	0	6.5	1	2	3	17.3	5.1	6.7	7.0	1	1	0	0	1	5	1	2	2	2	2	2	2	2	6	2
T12	Ac-31	5	1	1	2	5	0	1	1	1.0	MF	0	10.7	1	1	2	12.0	4.1	6.8	6.2	1	1	0	0	2	6	1	1	2	2	4	2	3	2	3	2
T13	Ac-32	5	1	1	2	4	0	1	3	10.0	MF	0	18.9	1	2	3	22.1	5.9	8.2	7.2	2	1	3	0	3	4	1	2	2	2	6	2	2	1	1	2
T14	Ac-35	3	1	1	1	10	1	1	1	10.0	MF	0	10.1	1	2	3	23.6	5.3	8.0	7.4	1	1	0	0	1	5	2	1	2	2	1	2	1	2	2	2
T15	Ac-39	5	2	1	1	10	1	1	4	0.0	MF	0	8.0	1	2	2	5.0	6.3	7.8	6.5	1	1	1	1	2	11	2	2	1	2	6	1	1	2	7	2
T16	Ac-41	5	2	1	1	5	0	1	1	7.0	MF	0	9.0	2	2	2	5.0	5.0	6.3	5.8	1	1	0	1	1	1	2	2	1	2	2	2	2	2	2	2
T17	Ac-46	5	2	1	2	10	1	1	4	6.0	MF	0	10.5	1	2	2	5.0	5.5	7.3	7.4	1	1	1	1	2	11	1	3	1	2	6	1	1	2	7	3
T18	Ac-47	5	2	1	1	1	1	1	1	15.0	MF	0	7.5	1	2	2	5.0	6.3	9.3	8.5	1	1	1	1	2	12	1	2	1	1	4	2	3	2	2	2
T19	Ac-48	5	1	1	1	5	2	1	1	2.0	MF	0	9.8	1	2	3	16.9	5.9	8.5	9.0	2	2	3	0	2	4	1	2	1	1	6	1	2	2	7	3
T20	Ac-49	5	1	3	2	5	1	1	1	40.0	MF	0	10.1	1	2	3	15.2	7.1	9.5	9.7	1	1	0	0	1	5	2	1	2	2	4	2	1	1	1	2
T21	Ac-56	3	1	3	2	1	1	1	1	10.0	MF	0	21.7	1	2	3	14.2	5.7	8.3	9.3	1	1	0	0	1	1	1	1	2	2	3	2	2	2	2	3
T22	Ac-57	3	1	1	2	1	0	1	1	0.0	MF	0	16.6	1	2	3	17.4	5.9	8.4	8.1	1	1	0	0	1	1	1	1	1	1	3	1	1	2	4	3
T23	Ac-58	5	1	1	2	1	1	1	1	2.0	MF	0	17.5	1	1	2	10.7	4.2	6.6	6.4	1	1	0	0	2	6	1	2	1	1	3	2	1	2	4	3
T24	Ac-59	7	2	3	2	10	1	1	4	1.5	MF	1	10.4	2	1	2	15.1	4.7	6.1	6.6	1	1	1	1	1	14	1	1	1	1	2	1	7	2	8	3
T25	Ac-61	5	2	1	1	5	0	1	1	10.0	MF	0	9.0	2	2	2	5.0	4.8	8.5	6.5	1	1	1	0	1	2	3	3	1	1	9	2	3	2	2	2
T26	Ac-67	5	2	1	2	5	0	1	1	6.0	MF	0	10.5	1	2	2	5.0	5.5	7.8	6.5	1	1	1	0	2	11	1	2	1	2	3	2	2	2	2	2
T27	Ac-70	5	2	1	1	5	1	1	1	0.0	MF	0	9.0	1	2	2	5.0	4.5	6.8	5.3	1	2	0	0	2	11	3	2	2	2	3	2	1	1	2	3
T28	Ac-72	5	2	1	2	5	1	1	1	0.0	MF	0	13.0	2	2	2	5.0	5.3	7.5	7.8	1	1	1	0	1	1	1	2	1	1	2	2	2	2	2	2
T29	Ac-76	5	2	1	2	10	1	1	4	0.0	MF	0	5.5	2	2	2	5.0	3.8	6.8	6.5	1	1	1	0	2	11	1	3	1	1	3	1	1	1	5	3
T30	Ac-78	7	1	1	2	5	2	1	4	8.0	MF	0	8.0	1	1	3	16.8	4.8	7.8	7.1	2	2	0	0	2	8	1	2	2	2	2	1	9	2	6	2
T31	Ac-80	3	1	1	1	5	2	1	3	5.0	MF	0	14.1	1	2	3	16.2	6.3	7.8	8.2	2	2	0	0	2	4	1	1	1	1	3	1	7	2	4	3
T32	Ac-83	3	1	1	2	5	1	1	3	1.0	MF	0	12.8	1	1	3	15.5	3.8	6.3	6.0	2	1	0	0	2	6	1	2	1	1	1	2	3	2	3	2
T33	Ac-85	5	1	1	1	5	2	1	3	1.0	MF	0	17.0	1	2	3	18.2	5.9	6.1	6.8	2	2	3	0	2	4	1	1	1	1	6	1	9	2	5	2

T34	Ac-86	3	1	1	2	1	1	1	3	3.0	MF	0	23.5	1	1	3	15.9	5.1	7.4	7.4	2	2	0	0	2	1	1	1	1	1	2	2	1	2	3	2
T35	Ac-87	5	1	1	2	5	1	1	1	2.0	MF	0	9.9	1	1	3	10.7	4.8	7.6	6.5	1	1	0	0	2	6	1	2	1	1	9	2	3	2	3	2
T36	Ac-115	5	2	1	2	5	0	1	4	0.0	MF	0	10.0	2	2	2	5.0	5.8	8.3	7.3	1	1	1	1	2	5	1	2	1	2	8	2	1	2	2	2
T37	Ac-120	5	2	1	2	5	0	1	4	0.0	MF	0	9.0	2	2	2	5.0	5.0	7.8	6.0	1	1	1	1	2	12	1	3	1	2	8	2	1	2	3	3
T38	Ac-125	5	2	1	1	5	0	1	4	5.0	MF	0	11.5	2	2	2	5.0	6.0	8.8	7.8	1	1	1	1	2	2	1	3	1	1	3	2	3	2	3	2
T39	Ac-126	5	2	1	2	5	1	1	4	9.0	MF	0	14.0	1	2	2	5.0	4.5	6.0	3.8	1	1	1	1	2	11	1	3	1	1	3	1	1	2	6	3
T40	Ac-129	5	2	1	2	5	0	1	4	25.0	MF	0	14.5	1	2	2	5.0	5.0	8.3	6.5	1	2	1	1	1	5	1	1	1	1	9	2	1	2	2	2
T41	Ac-133	3	1	1	1	5	1	1	1	2.0	MF	0	17.0	1	2	3	19.7	4.2	5.9	6.1	1	1	0	0	1	1	1	1	2	2	2	2	1	2	3	2
T42	Ac-134	5	1	1	2	10	1	1	1	5.0	MF	0	16.6	1	1	3	14.4	4.5	7.2	6.1	1	1	0	0	2	5	2	3	1	1	3	2	1	2	3	2
T43	Ac-137	3	1	1	1	10	0	1	1	8.0	MF	0	10.7	1	1	2	6.8	3.4	5.4	4.6	1	1	0	0	1	6	1	1	2	2	3	1	3	2	3	3
T44	Ac-138	3	1	1	1	2	0	1	1	3.0	MF	0	5.2	1	1	2	8.1	4.1	6.1	4.5	1	2	3	0	3	8	1	1	2	2	3	1	9	2	2	2
T45	Ac-140	5	1	1	1	5	0	1	1	14.0	MF	0	9.3	1	2	2	8.5	3.2	5.4	4.1	2	1	0	0	1	5	1	1	2	2	3	1	9	2	2	2
T46	Ac-141	7	1	1	2	2	2	1	1	8.0	MF	0	5.5	1	1	2	8.0	4.5	5.8	4.7	3	2	3	0	3	2	1	1	2	2	11	1	10	1	8	2
T47	Ac-144	3	1	1	1	10	0	1	4	2.0	MF	0	10.0	1	2	2	3.0	4.3	5.5	4.3	1	2	1	0	2	2	1	1	1	1	13	2	10	2	8	3
T48	Ac-146	3	1	1	2	5	0	1	1	8.0	MF	0	9.0	1	2	2	3.0	3.0	5.5	3.5	1	1	1	0	1	1	1	2	1	1	2	2	1	1	2	3
T49	Ac-147	5	1	1	1	5	0	1	1	3.0	MF	0	12.0	2	2	2	5.0	2.8	5.5	4.3	1	1	1	1	1	1	1	3	1	1	2	2	1	1	2	3
T50	Ac-148	5	1	1	1	10	1	1	4	2.0	MF	0	11.0	1	2	2	5.0	4.0	7.3	5.5	1	1	1	1	2	11	2	2	1	1	6	2	6	2	2	3
T51	Ac-151	5	1	1	2	5	1	1	1	5.0	MF	0	10.0	1	2	2	3.0	3.3	6.6	6.2	1	2	1	0	1	1	3	2	1	1	8	2	5	2	3	3
T52	Ac-152	5	1	1	1	10	0	1	4	5.0	MF	0	19.0	1	2	2	3.0	3.8	7.0	4.3	1	2	0	0	2	2	3	2	1	2	3	2	2	2	2	2
T53	Ac-153	7	1	1	1	2	2	1	3	18.5	MF	0	10.4	1	1	3	14.3	5.2	7.5	7.7	3	2	3	0	3	2	2	2	1	1	10	2	3	2	4	2
T54	Ac-154	5	1	1	1	5	1	1	3	17.5	MF	0	14.0	1	1	2	13.7	5.4	7.7	7.4	3	2	3	0	2	5	2	1	1	1	6	2	1	1	1	3
T55	Ac-155	3	1	1	1	10	1	1	1	0.0	MF	0	13.8	1	1	2	9.8	4.5	6.6	5.4	1	1	0	0	1	2	1	1	2	2	2	2	1	1	1	3
T56	Ac-157	5	1	1	1	5	1	1	3	0.0	MF	0	9.3	1	1	3	8.3	4.6	5.9	5.2	3	2	3	0	2	5	2	1	2	2	6	2	1	2	3	3
T57	Ac-158	3	1	1	1	2	2	1	1	1.0	MF	0	7.7	1	1	2	10.6	4.3	5.9	5.7	3	2	3	0	3	2	2	1	2	2	14	1	8	2	8	2
T58	Ac-159	7	1	1	1	2	2	1	1	1.0	MF	0	12.7	1	1	3	18.9	6.0	8.4	8.3	3	2	0	0	2	5	2	1	1	1	5	2	3	2	3	2
T59	Ac-160	5	1	1	1	10	1	1	4	10.0	MF	0	15.0	1	2	2	5.0	4.5	6.8	5.3	1	2	0	0	2	2	1	2	1	1	3	2	2	2	2	2
T60	Ac-161	5	1	1	1	10	1	1	4	25.0	MF	0	14.5	1	2	2	5.0	3.9	6.5	5.9	1	2	1	0	1	1	1	2	1	2	4	2	2	2	2	2
T61	Ac-162	5	1	1	1	5	1	1	1	20.0	MF	0	14.0	1	2	2	5.0	2.8	5.0	3.3	1	2	1	0	1	1	1	2	1	1	3	2	1	2	2	2
T62	Ac-163	3	1	1	1	10	1	1	4	30.0	MF	0	12.0	1	2	2	5.0	3.8	6.0	4.5	1	2	3	0	2	11	1	2	1	1	3	2	2	2	2	2
T63	Ac-164	3	1	1	1	10	1	1	4	30.0	MF	0	12.0	1	2	2	5.0	3.8	6.5	4.8	1	1	0	0	2	11	1	2	1	1	9	2	3	2	3	2
T64	Ac-166	3	1	1	2	2	1	1	4	41.5	MF	0	9.0	1	1	3	7.3	2.8	4.8	4.7	1	1	3	0	1	2	1	1	3	2	13	2	99	2	3	2
T65	Ac-167	3	1	1	1	2	1	1	4	20.0	MF	0	8.0	1	1	2	13.0	3.3	5.2	4.4	2	2	3	0	2	12	2	1	1	1	3	2	99	2	3	2
T66	Ac-168	3	1	1	2	3	1	1	4	15.0	MF	0	8.4	1	1	2	5.2	2.4	4.1	3.1	3	2	3	0	4	3	1	1	1	2	3	2	3	2	2	2
T67	Ac-169	3	1	1	2	4	1	1	4	30.0	MF	0	21.4	1	1	2	8.4	3.1	3.8	2.6	2	2	3	0	2	5	1	1	1	1	5	2	1	1	1	1
T68	Ac-170	3	1	1	2	5	0	1	1	37.0	MF	0	10.6	1	2	2	1.8	2.5	4.0	2.2	1	1	1	0	1	7	2	1	1	2	9	2	1	1	2	1
T69	Ac-171	5	1	2	2	4	1	1	4	25.0	MF	0	10.6	1	1	2	6.0	3.7	4.5	2.7	1	1	3	0	3	10	1	1	2	2	9	2	1	2	2	2
T70	Ac-174	3	1	3	2	5	1	1	1	10.5	MF	0	16.7	1	2	2	11.7	5.0	5.8	5.0	1	1	0	0	1	5	1	1	2	1	10	2	3	2	2	3
T71	Ac-176	7	1	1	1	3	1	1	4	7.0	MF	0	9.7	1	1	1	3.7	3.7	4.9	3.7	3	2	4	0	4	7	1	2	2	1	11	1	10	2	8	2

T72	Ac-179	7	1	1	1	2	1	1	4	16.0	MF	0	9.9	1	2	2	9.3	2.9	4.7	4.0	2	1	0	0	2	2	1	2	1	1	6	1	6	2	7	3
T73	Ac-193	7	1	1	1	5	0	1	4	12.5	MF	0	11.1	1	1	1	4.3	2.6	4.4	3.3	1	1	0	1	1	6	1	2	1	1	6	2	2	1	3	3
T74	Ac-208	7	1	1	1	5	0	1	4	13.0	MF	0	10.3	1	2	2	14.8	3.8	5.7	4.9	1	1	0	0	1	6	1	2	1	1	6	2	2	2	2	3
T75	Ac-209	7	1	1	1	2	1	1	4	5.0	MF	0	9.7	1	2	2	10.5	4.2	5.9	5.3	2	1	0	0	2	2	1	2	1	1	6	1	6	2	7	3
T76	Ac-210	3	1	3	1	4	0	1	1	5.0	MF	0	9.1	1	2	2	9.3	3.1	4.5	4.2	1	1	1	0	4	1	1	1	3	1	3	1	7	2	8	1
T77	Ac-212	3	1	1	2	5	1	1	4	57.0	MF	0	10.6	1	2	2	10.9	2.9	4.7	4.5	1	1	3	0	2	12	1	1	3	1	4	2	3	2	3	1
T78	Ac-213	3	1	3	2	5	0	1	4	8.3	MF	0	10.7	1	2	2	4.1	2.0	3.7	1.6	1	1	3	0	2	5	2	3	1	1	6	2	2	2	2	1
T79	Ac-214	7	1	3	1	5	1	1	1	40.0	GP	0	24.8	1	1	2	14.2	2.4	5.4	4.1	1	1	1	0	1	7	2	2	1	2	11	2	2	1	2	2
T80	Ac-215	7	1	1	2	4	1	1	1	9.0	MF	0	28.5	1	1	2	10.1	6.0	7.7	5.4	1	1	3	0	1	6	3	3	2	1	6	2	3	2	3	3
T81	Ac-216	5	1	3	2	4	1	1	4	67.5	GP	1	5.1	1	2	2	7.6	2.5	4.4	2.6	1	1	3	0	2	4	2	1	3	1	6	1	7	2	7	2
T82	Ac-217	3	1	1	1	5	0	0	4	9.0	MF	0	11.2	1	1	1	7.2	2.5	4.1	3.1	1	1	0	0	1	5	1	2	1	1	6	1	1	1	3	2
T83	Ac-218	7	1	1	2	2	0	1	4	16.5	MF	0	27.2	1	2	2	19.4	5.2	8.2	7.2	1	1	0	0	2	6	3	3	2	1	12	2	3	2	3	3
T84	Ac-219	7	1	1	1	5	0	1	4	10.5	MF	0	7.8	1	1	1	3.3	4.1	5.5	4.1	1	1	0	0	1	1	1	2	3	1	3	2	1	2	2	3
T85	Ac-220	7	1	1	1	5	1	1	4	16.0	MF	0	14.9	1	2	2	8.2	4.1	5.7	4.8	1	1	0	0	2	5	1	2	1	1	8	2	3	2	3	3
T86	Ac-221	7	1	1	1	2	1	1	4	6.0	MF	0	11.1	1	1	1	3.9	2.2	4.2	3.0	2	1	4	0	1	1	1	2	1	1	3	1	99	1	8	2
T87	Ac-223	7	1	1	1	2	1	1	4	24.5	MF	0	7.7	1	2	2	11.6	5.5	6.0	5.9	2	1	4	0	2	4	1	2	3	1	3	2	6	2	2	3
T88	Ac-225	5	1	1	1	5	1	1	4	37.7	MF	0	16.0	1	2	2	18.9	3.4	4.4	4.9	1	1	1	0	1	5	1	1	2	1	10	2	1	1	2	1
T89	Ac-226	3	1	1	1	5	1	1	1	13.5	MF	0	11.2	1	2	2	11.1	2.9	5.7	4.0	1	1	1	0	1	5	1	3	3	1	3	2	1	1	2	2
T90	Ac-227	5	1	1	2	5	0	1	1	5.0	MF	0	15.2	1	1	2	8.422	3.189	4.9	3.5	1	1	1	0	1	7	2	3	1	1	6	2	2	2	2	2
T91	Ac-228	5	1	3	2	5	1	1	1	10.0	MF	0	24.0	1	2	2	5.25	3.8	5.2	3.6	1	1	1	1	1	10	3	3	1	1	6	2	2	2	2	1
T92	Ac-230	5	1	1	1	6	1	1	4	6.5	MF	1	19.6	1	1	1	9.9	3.745	5.5	4.3	1	1	3	0	2	7	3	3	1	1	9	2	3	2	3	2
T93	Ac-231	3	1	1	2	5	0	1	1	17.5	MF	0	9.1	1	1	2	1.05	2.446	4.1	2.1	1	1	1	0	1	7	1	1	2	1	3	2	1	1	2	2
T94	Ac-232	7	1	1	1	10	0	1	4	9.5	MF	0	9.0	1	1	1	3.6	2.6	4.3	3.3	1	1	0	0	1	6	3	3	2	1	9	2	1	2	2	3
T95	Ac-233	7	1	1	1	5	1	1	1	5.5	MF	0	10.9	1	2	2	14.2	4.98	7.6	6.4	1	1	0	0	1	5	3	2	3	1	3	1	1	1	1	3
T96	Ac-234	7	1	1	1	5	1	1	1	11.0	MF	0	13.9	1	2	2	15.2	5.35	7.5	6.1	1	1	0	0	1	5	1	2	1	1	6	2	1	2	3	2
T97	Ac-238	7	1	1	2	5	1	1	1	9.0	MF	0	15.4	1	2	2	10	3.8	4.5	4.5	1	1	0	0	1	5	1	2	1	2	3	2	1	1	2	3
T98	Ac-239	7	1	1	1	5	1	1	4	12.0	MF	0	13.3	1	2	2	15.9	4.3	6.5	5.1	1	1	0	0	1	5	3	2	2	1	3	1	1	1	1	3
T99	Ac-240	7	1	1	1	5	1	1	1	12.5	MF	0	14.8	1	2	2	18.8	5.1	8.2	6.8	1	1	0	0	1	5	3	2	2	1	2	2	1	2	3	2
T100	Ac-241	7	1	1	2	5	1	1	1	43.7	MF	0	15.4	1	2	2	6.85	2.447	4.3	3.8	1	1	1	0	1	5	1	1	2	1	9	2	1	2	2	1
T101	Ac-242	7	1	3	1	5	0	1	1	27.5	MF	0	22.3	1	1	2	4.65	3.36	4.4	3.5	1	1	1	0	1	5	1	1	2	1	1	2	1	1	2	1
T102	Ac-243	5	1	1	2	4	1	1	1	36.0	MF	0	10.3	1	1	2	8.55	4	4.0	3.1	1	1	1	0	2	4	1	1	3	2	6	1	9	2	4	3
T103	Ac-245	7	1	1	2	5	1	1	1	31.6	MF	0	22.0	1	2	2	8.9	3.88	5.7	3.3	1	1	1	0	1	7	1	3	2	1	7	2	2	2	3	2
T104	Ac-246	7	1	1	2	5	1	1	1	15.4	MF	0	18.1	1	1	2	7.3	4.02	5.7	4.4	1	1	1	0	1	7	1	2	3	1	9	2	2	1	2	1
T105	Ac-247	5	1	1	1	5	1	1	1	6.0	MF	0	26.1	1	2	2	10.4	5.92	7.3	6.7	1	1	1	0	1	7	2	3	2	1	6	2	1	1	2	1
T106	Ac-248	7	1	1	1	5	1	1	1	5.5	MF	0	11.8	1	2	2	15	5.8	6.4	6.5	1	1	0	0	1	5	2	2	2	1	12	2	2	1	1	3
T107	Ac-249	7	1	1	2	2	0	0	1	11.5	MF	0	18.7	1	2	2	13.1	4.85	7.4	4.9	1	1	1	0	1	6	3	3	2	1	10	2	3	2	4	3
T108	Ac-253	7	1	1	2	5	0	1	1	11.5	MF	0	17.9	1	1	1	13.1	5.3	8.3	6.8	1	1	0	0	1	5	3	3	2	1	10	2	1	2	2	3
T109	Ac-260	7	1	1	1	2	5	1	1	23.0	MF	0	18.0	1	2	2	13	5	7.3	5.8	1	1	0	0	1	5	3	3	1	1	9	2	1	2	3	2

T110	Ac-261	7	1	1	2	5	1	1	1	6.0	MF	0	15.4	1	1	1	5.6	4	6.5	4.8	1	1	0	0	1	5	1	2	1	1	9	2	1	2	2	3
T111	Ac-262	7	1	1	1	5	1	1	1	6.5	MF	0	11.4	1	2	2	17.1	5.45	7.7	7.0	1	1	0	0	1	5	3	3	1	1	6	2	2	2	2	2
T112	Ac-264	5	1	2	2	10	1	1	4	14.5	MF	1	15.5	1	1	2	7.2	2.035	3.8	3.1	2	1	3	0	2	6	3	3	1	1	9	2	3	2	3	2
T113	Ac-266	5	1	1	1	5	1	1	1	1.5	MF	0	19.6	1	1	2	9.2	3.59	4.3	3.9	1	1	0	0	1	5	1	1	2	1	3	2	1	2	3	2
T114	Ac-267	7	1	2	2	5	1	1	1	32.0	MF	0	14.9	1	2	2	6.043	3.331	3.9	3.1	1	1	1	0	1	7	1	3	3	1	3	2	1	2	2	2
T115	Ac-270	7	1	1	1	5	1	1	1	8.5	MF	1	32.9	1	2	2	8	5.805	6.9	5.3	1	1	1	0	1	7	3	2	2	1	3	2	1	1	2	1
T116	Ac-271	7	1	2	2	10	1	1	1	20.0	GP	0	12.1	1	1	2	11.35	3.6	4.0	3.0	1	1	1	0	1	7	1	1	3	1	6	2	1	1	2	2
T117	Ac-272	7	1	1	1	5	1	1	4	8.0	MF	0	11.6	1	2	2	13.6	5.1	7.4	6.9	1	1	0	0	1	5	1	1	2	1	9	2	1	2	3	3
T118	Ac-274	7	1	1	1	5	1	1	1	11.5	MF	0	12.0	1	2	2	12	6	7.5	6.5	1	1	0	0	1	5	1	2	2	1	4	2	1	2	2	3
T119	Ac-275	7	1	1	1	5	1	1	1	14.0	MF	0	11.6	1	1	1	5.8	4.35	5.7	5.0	1	1	0	1	1	5	3	1	1	1	3	2	2	2	3	3
T120	Ac-277	7	1	1	1	5	1	1	1	10.0	MF	0	12.7	1	2	2	16.5	4.51	7.1	5.4	1	1	0	0	1	5	3	1	1	1	3	2	1	2	2	3
T121	Ac-278	7	1	1	1	5	1	1	1	11.0	MF	0	16.8	1	2	2	11.5	5.1	6.8	6.2	1	1	0	0	1	5	1	2	3	1	4	2	2	2	3	2
T122	Ac-279	7	1	1	1	2	1	1	4	28.0	MF	0	6.9	1	2	2	10.8	4.9	6.1	5.6	2	1	0	0	1	2	1	2	3	1	6	1	99	2	7	3
T123	Ac-280	5	1	2	2	5	1	1	4	0.0	MF	0	19.7	1	2	2	11.5	4.335	6.2	4.1	3	1	3	0	3	11	2	2	3	1	6	2	1	1	2	1
T124	Ac-281	5	1	3	1	2	1	1	1	5.5	MF	0	18.6	1	1	2	12.4	2.685	4.0	3.0	1	2	3	0	3	4	1	1	3	2	13	1	10	2	3	2
T125	Ac-282	5	1	3	1	3	1	1	4	5.5	MF	0	19.2	1	1	2	7.05	2.8	4.6	4.0	1	1	3	0	2	3	1	2	2	1	9	1	10	2	2	2
T126	Ac-283	3	1	3	2	10	1	1	4	3.5	MF	0	22.2	1	1	1	5.8	3.1	4.4	3.4	1	1	3	0	2	4	1	2	2	1	3	1	10	2	2	1
T127	Ac-284	5	1	3	1	5	1	1	4	6.0	MF	0	21.0	1	1	2	12.5	4.3	5.9	4.5	1	1	1	0	1	7	1	1	3	1	1	2	3	2	3	2
T128	Ac-285	5	1	1	2	4	1	1	4	8.5	MF	0	19.1	1	1	2	7.2	3.4	5.8	4.2	1	2	3	0	3	10	1	3	1	1	6	2	1	1	2	2
T129	Ac-286	7	1	1	1	2	1	1	4	7.0	MF	0	13.0	1	1	1	7.5	5.4	6.3	4.6	2	1	0	0	1	6	1	2	2	1	4	2	10	2	2	3
T130	Ac-287	7	1	3	1	5	0	1	1	11.0	MF	0	20.0	1	2	2	15.2	5.4	7.6	6.7	1	1	0	0	1	5	1	2	2	1	9	2	6	2	3	3
T131	Ac-288	7	1	1	1	2	1	1	4	11.5	MF	0	15.7	1	1	1	5.8	4.6	6.3	4.2	2	1	0	0	1	5	1	2	2	1	4	2	2	2	2	2
T132	Ac-289	7	1	1	1	3	1	1	4	10.5	MF	0	16.1	1	2	2	9.7	5.1	7.4	5.0	2	1	0	0	4	11	1	2	2	1	13	2	1	2	2	2
T133	Ac-290	7	1	1	1	2	1	1	4	8.0	MF	0	15.5	1	2	2	6.8	4.9	7.5	5.3	2	1	0	0	2	5	1	2	1	1	6	2	1	1	2	3
T134	Ac-291	7	1	1	1	2	1	1	4	9.0	MF	0	14.5	1	1	1	10.7	5.2	7.7	5.5	2	1	0	0	1	5	1	2	2	1	4	2	1	2	2	3
T135	Ac-292	5	1	1	1	5	1	1	1	0.0	MF	0	10.5	1	2	2	5	3.8	6.8	5.8	1	1	1	0	1	1	3	2	2	2	4	2	1	1	2	2
T136	Ac-293A	3	1	1	5	10	1	1	4	10.0	MF	0	10.0	1	2	2	5	3.3	6.8	6.0	1	1	3	0	3	11	1	2	1	1	4	2	3	2	2	2
T137	Ac-293B	5	1	3	2	5	1	1	1	0.0	MF	0	20.5	1	1	2	6.1	2.6	3.7	2.6	1	1	3	0	2	6	1	3	1	1	9	2	3	2	2	2
T138	Ac-294	3	1	1	1	10	1	1	4	5.0	MF	0	14.0	1	2	2	5	3.1	6.3	5.6	1	2	3	0	3	12	1	2	1	2	5	2	4	2	2	2
T139	Ac-295	5	1	1	1	2	1	1	1	10.0	MF	0	15.0	2	2	2	5	3.9	6.9	6.0	1	2	3	0	3	11	2	1	2	2	13	2	10	1	2	2
T140	Ac-296	5	1	1	1	1	1	1	1	12.0	MF	0	13.0	2	2	2	5	3.9	6.2	5.8	1	1	3	0	4	11	1	2	2	2	5	2	3	2	3	2
T141	Ac-297	3	1	1	2	10	1	1	1	0.0	MF	0	13.0	1	2	2	5	3.3	7.5	6.3	1	1	3	0	1	11	1	2	1	2	6	2	1	2	3	3
T142	Ac-298	5	1	1	2	5	1	1	1	5.0	MF	0	10.0	1	2	2	5	3.8	7.0	5.6	1	2	0	0	2	2	1	2	1	1	3	2	3	2	2	2
T143	Ac-299	5	1	1	1	10	0	1	4	0.0	MF	0	10.0	1	2	2	5	3.1	6.9	6.2	1	1	3	0	2	11	1	3	2	2	6	2	3	2	2	2
T144	Ac-300	5	1	1	1	10	0	1	4	9.0	MF	0	12.0	1	2	2	5	3.8	6.7	5.9	1	1	0	0	1	1	1	2	2	1	4	2	1	2	2	1

Anexo 9. Panel fotográfico



Fotografía 1. Prueba de germinación de las semillas de quinua del Banco de Germoplasma- LGBV.



Fotografía 2. Labores culturales durante la conducción del cultivo de quinua.



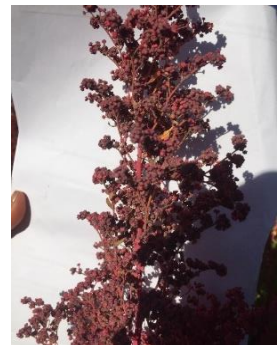
Fotografía 3. Caracterización de las accesiones de quinua.



Fotografía 4. Caracterización de hojas.



Fotografía 5. Caracterización de tallo

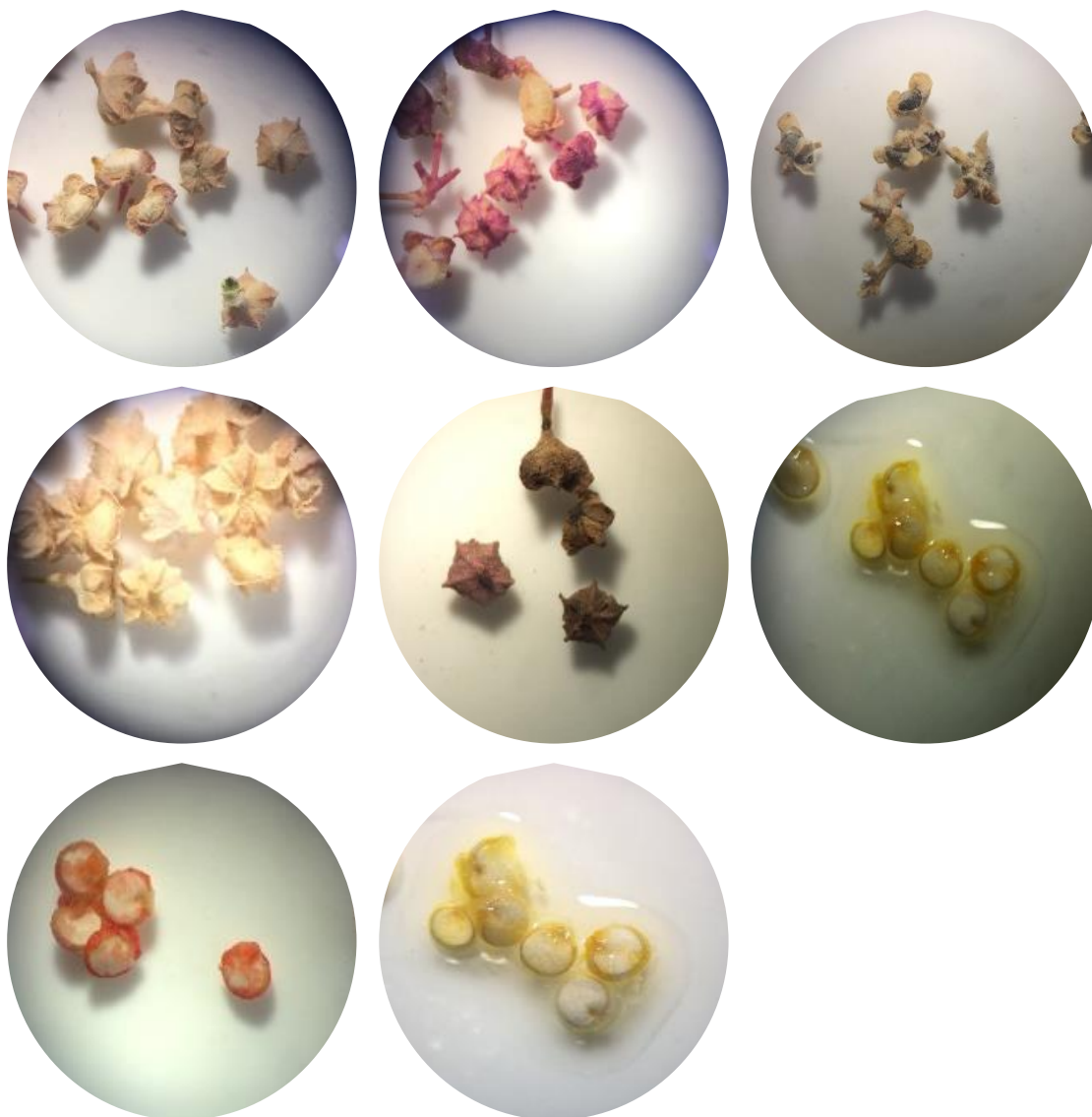






Fotografía 6. Caracterización de la inflorescencia

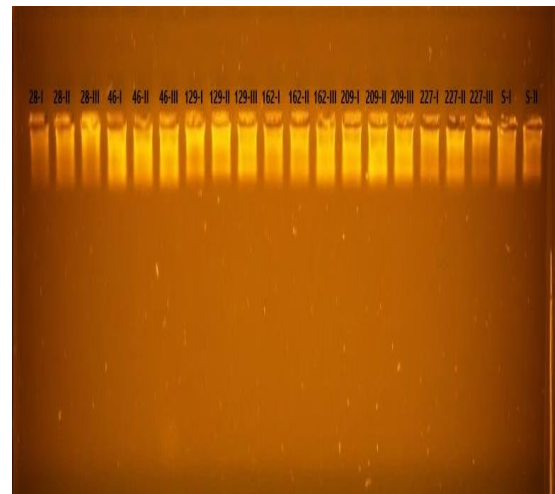
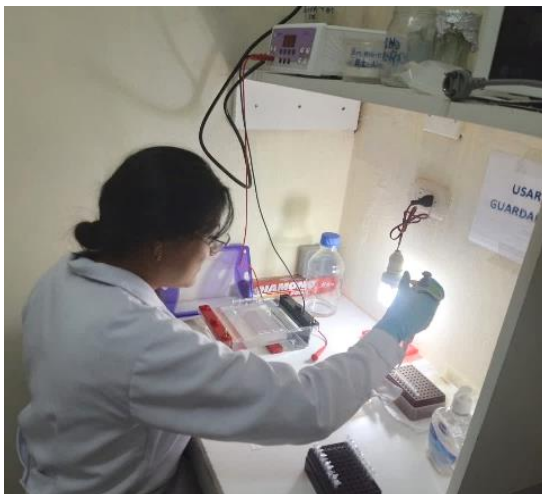
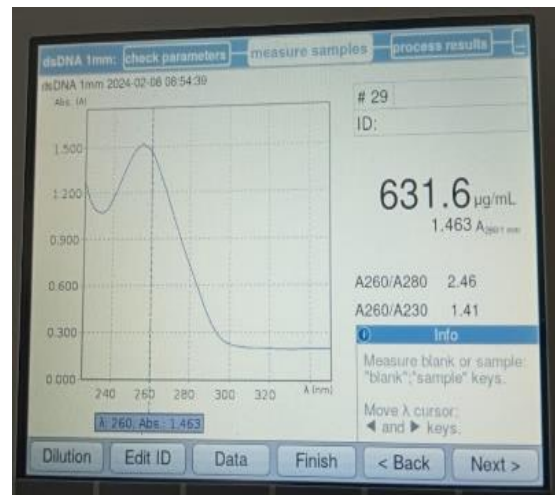
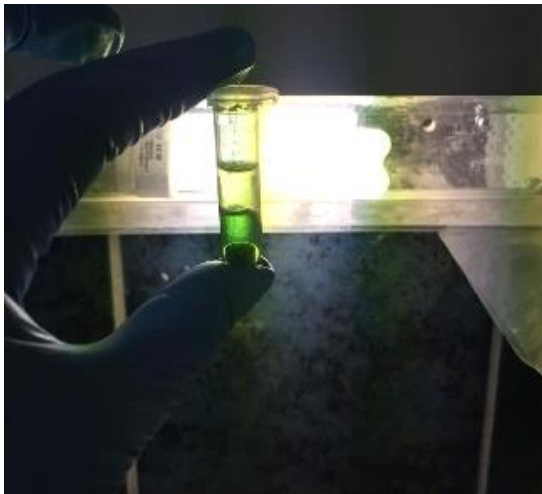




Fotografía 7. Caracterización de granos.



Fotografía 8. Acondicionamiento de semillas frescas en el Banco de Germoplasma.



Fotografía 9. Extracción de ADN y control de calidad

ACTA DE SUSTENTACIÓN DE TESIS
Bach. SAYDA FRANCISCA CERDA TENORIO
R.D. N° 313-2024-UNSCH-FCA-D

En la ciudad de Ayacucho a los ocho días del mes de noviembre del año dos mil veinticuatro, siendo las diecisiete horas, se reunieron en el auditorio de la Facultad de Ciencias Agrarias, bajo la presidencia del Dr. Lurquín Marino Zambrano Ochoa Decano (e) de la Facultad de Ciencias Agrarias; los miembros del jurado conformado por Dr. Lurquín Marino Zambrano Ochoa, Ph.D. Germán Fernando De La Cruz Lapa como asesor, M.Sc. Walter Augusto Mateu Mateo y M.Sc. Eugenia Rocío Quispe Medina; actuando como secretario de actas el Mtro. Rodolfo Alca Mendoza, para recibir la sustentación de la Tesis titulado: **Variabilidad fenotípica basado en componentes agromorfológicos y estandarización de PCR para marcadores InDel en el germoplasma de *Chenopodium quinoa* Willd, Ayacucho**, para obtener el Título Profesional de Ingeniera Agrónoma presentado por la Bachiller **SAYDA FRANCISCA CERDA TENORIO**.

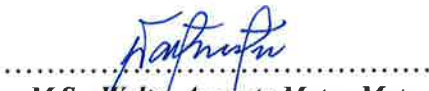
El señor Decano (e) previa verificación de los documentos exigidos solicitó se proceda con la sustentación y posterior defensa de la tesis en un periodo de cuarenta y cinco minutos de acuerdo al reglamento de grados y títulos vigente. Terminado la exposición, los miembros del Jurado, formularon sus preguntas, aclaraciones y/o observaciones correspondientes. Luego se invito a los miembros del jurado pasar a otra aula para la deliberación y calificación del trabajo de tesis, teniendo el siguiente resultado:

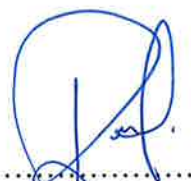
Jurado evaluador	Exposición	Respuestas a las preguntas	Generación de conocimiento	Promedio
Dr. Lurquín Marino Zambrano Ochoa	16	16	16	16
Ph.D. Germán Fernando De La Cruz Lapa	18	18	19	18
M.Sc. Walter Augusto Mateu Mateo	16	16	16	16
M.Sc. Eugenia Rocío Quispe Medina	18	18	18	18
PROMEDIO GENERAL				17

Acto seguido se invita al sustentante y publico en general para dar a conocer el resultado final. Firman el acta.


.....
Dr. Lurquín Marino Zambrano Ochoa
Presidente


.....
Ph.D. Germán Fernando De La Cruz Lapa
Asesor


.....
M.Sc. Walter Augusto Mateu Mateo
Jurado


.....
M.Sc. Eugenia Rocío Quispe Medina
Jurado


.....
Mtro. Rodolfo Alca Mendoza
Secretario Docente



UNSCH

FACULTAD DE CIENCIAS
AGRARIAS

CONSTANCIA DE CONTROL DE ORIGINALIDAD DE TRABAJO DE TESIS

El que suscribe, miembro de la comisión de docentes instructores responsables de operativizar, verificar, garantizar y controlar la originalidad de los trabajos de **TESIS** de la Facultad de Ciencias Agrarias, de la Universidad Nacional de San Cristóbal de Huamanga, autorizado por RR N° 294-2022-UNSCH-R y la R.D. N° N° 005-2024-UNSCH-FCA-CF; hace constar que el trabajo titulado;

Variabilidad fenotípica basado en componentes agromorfológicos y estandarización de PCR para marcadores InDel en el germoplasma de *Chenopodium quinoa* Willd, Ayacucho

Autor : Sayda Francisca Cerda Tenorio

Asesor : Germán Fernando De La Cruz Lapa

Ha sido sometido al control de originalidad mediante el software TURNITIN UNSCH, acorde al Reglamento de originalidad de trabajos de Tesis, aprobado mediante la RCU N° 039-2021-UNSCH-CU, arrojando un resultado de **diecinueve por ciento (19 %)** de índice de similitud, realizado con **depósito de trabajos estándar**.

En consecuencia, se otorga la presente Constancia de Originalidad para los fines pertinentes.

Nota: Se adjunta el resultado con Identificador de la entrega: 2528887701

Ayacucho, 22 de noviembre de 2024

UNIVERSIDAD NACIONAL DE
SAN CRISTÓBAL DE HUAMANGA
Facultad de Ciencias Agrarias
Ing. Edgar Tenorio Mancilla
Coordinador de Control de originalidad de
trabajo de investigación y tesis - FCA

Variabilidad fenotípica basado en componentes agromorfológicos y estandarización de PCR para marcadores InDel en el germoplasma de Chenopodium quinoa Willd, Ayacucho

por Sayda Francisca CERDA TENORIO

Fecha de entrega: 22-nov-2024 02:23p.m. (UTC-0500)

Identificador de la entrega: 2528887701

Nombre del archivo: TESIS_SAYDA_CERDA_7_11_24_1_1_.docx (14.22M)

Total de palabras: 19634

Total de caracteres: 107497

Variabilidad fenotípica basado en componentes agromorfológicos y estandarización de PCR para marcadores InDel en el germoplasma de Chenopodium quinoa Willd, Ayacucho

INFORME DE ORIGINALIDAD

19%

INDICE DE SIMILITUD

12%

FUENTES DE INTERNET

3%

PUBLICACIONES

9%

TRABAJOS DEL
ESTUDIANTE

FUENTES PRIMARIAS

1	Submitted to Universidad Nacional de San Cristóbal de Huamanga	5%
Trabajo del estudiante		

2	idoc.pub	3%
Fuente de Internet		

3	repositorio.uncp.edu.pe	2%
Fuente de Internet		

4	purl.org	2%
Fuente de Internet		

5	Submitted to Universidad Católica de Santa María	1%
Trabajo del estudiante		

6	cordobapedia.wikanda.es	1%
Fuente de Internet		

7	repositorio.umsa.bo	1%
Fuente de Internet		

8

RISCO MENDOZA JOSE CARLOS. "DIA del Proyecto Infraestructura de Disposición Final de los Residuos Sólidos de la Ciudad de Cangallo y Comunidades de Mollebamba y Huahuapuquio del Distrito de Cangallo y la Ciudad de Pampa Cangallo y las Comunidades de Coraspampa, Huallchancca, Jatunpampa y Pacopata del Distrito de los Morochucos - Cangallo - Ayacucho-IGA0001219", R.D. N° 165-2013/DSB/DIGESA/SA, 2020

Publicación

<1 %

9

Submitted to ueb

Trabajo del estudiante

<1 %

10

Submitted to Universidad de Salamanca

Trabajo del estudiante

<1 %

11

Mendoza Vazquez, Erika. "La impresion de un tono: Estudio sociolinguistico de la entonacion en Cuapiaxtla, Tlaxcala", El Colegio de Mexico, 2022

Publicación

<1 %

12

"Diagnóstico del estado nacional de la conservación ex situ de semillas en Chile y estudio de caso : colección de semillas del Jardín Botánico Chagual", Pontificia Universidad Catolica de Chile, 2007

Publicación

<1 %

14 DESSAU S&Z S.A.. "EIA de la Línea de Transmisión en 138 kV Juliaca - Puno y Subestaciones-IGA0002584", Oficio N° 1673-2002-EM/DGAA, 2021

Publicación

<1 %

15 Elsa Helena Manjarres-Hernández, Diana Marcela Arias-Moreno, Ana Cruz Morillo-Coronado, Zaida Zarely Ojeda-Pérez et al. "Phenotypic Characterization of Quinoa (*Chenopodium quinoa* Willd.) for the Selection of Promising Materials for Breeding Programs", Plants, 2021

Publicación

<1 %

16 ENVIROPROYECT S.R.LTDA.. "Plan de Gestión Ambiental de Bifenilos Policlorados de Electro Dunas (Unidad Comercial Ica, Pisco, Chincha y Nasca)-IGA0017546", R.D. N° 0020-2022-MINEM/DGAAE, 2022

Publicación

<1 %

17 Jhon Huilca Quispe. "Valoración socioeconómica del impacto de la expansión del cultivo de Quinoa (*Chenopodium quinoa* W.) sobre la competitividad y sostenibilidad de la diversidad en las explotaciones tradicionales del Perú", Universitat Politècnica de Valencia, 2022

Publicación

<1 %

Excluir citas

Activo

Excluir coincidencias < 30 words

Excluir bibliografía

Activo

Variabilidad fenotípica basado en componentes agromorfológicos y estandarización de PCR para marcadores InDel en el germoplasma de *Chenopodium quinoa* Willd, Ayacucho

Sayda Francisca Cerda Tenorio¹

Germán Fernando De La Cruz Lapa²

Área de investigación: Biotecnología

Línea de investigación: Mejoramiento Genético Agropecuario

sayda.cerda.01@unsch.edu.pe¹

german.delacruz@unsch.edu.pe²

RESUMEN

La razón de ejecución de este trabajo de investigación en el cultivo de quinua (*Chenopodium quinoa* Willd.) es su alto valor proteico, resistencia a la sequía y al frío, lo que lo convierten en una nueva alternativa para la seguridad alimentaria en escenarios de situaciones climáticas cambiantes. Los objetivos fueron describir la variabilidad fenotípica cualitativa de 144 accesiones del germoplasma y estandarizar PCR para marcador InDel en una muestra de 10 accesiones. El experimento se llevó a cabo en la Estación Experimental Agraria Canaán-INIA entre diciembre 2023- agosto 2024, utilizando semillas proporcionadas por el Banco de Germoplasma del Laboratorio de Genética y Biotecnología Vegetal-FCA. La caracterización se realizó utilizando descriptores de quinua y parientes silvestres de Bioversity Internacional, evaluándose 29 componentes cualitativos y 6 componentes cuantitativos. La recopilación de los datos fue procesado y analizado mediante agrupamiento jerárquico de clúster, análisis de correspondencia, componentes principales y para las características cuantitativas se realizó el análisis de varianza (ANVA). Se formaron 7 grupos en función a sus características cualitativas y cuantitativas de las 144 accesiones de quinua con un coeficiente de similitud al 18%. Los componentes que atribuyeron con un 43.4 % de la variabilidad fueron ancho máximo hoja(C19) y el componente con menor atribución fue la forma del tallo principal(C4). El protocolo estandarizado de PCR para los primers JAAS14 y JAAS67 incluyó: desnaturalización inicial a 95 °C por 3 minutos, seguida de 38 ciclos de desnaturalización a 95 °C por 40 segundos, alineamiento a una temperatura de hibridación entre 58 °C y 61,4 °C por 40 segundos, y extensión a 72 °C por 40 segundos. Se finalizó con una extensión de 5 minutos a 72 °C. El primer JAAS14 mostró una amplificación más eficiente y específica que JAAS67.

Palabras clave: quinua, variabilidad fenotípica, accesiones, PCR y InDel.

Phenotypic variability based on agromorphological components and PCR standardization for InDel markers in the germplasm of *Chenopodium quinoa* Willd, Ayacucho

ABSTRACT

The reason for carrying out this research work on quinoa (*Chenopodium quinoa* Willd.) cultivation is its high protein value, resistance to drought and cold, which make it a new alternative for food security in scenarios of changing climatic situations. The objectives were to describe the qualitative phenotypic variability of 144 accessions of the germplasm and to standardize PCR for the InDel marker in a sample of 10 accessions. The experiment was carried out at the Canaán-INIA Agrarian Experimental Station between December 2023-August 2024, using seeds provided by the Germplasm Bank of the Laboratory of Plant Genetics and Biotechnology-FCA. The characterization was carried out using descriptors of quinoa and wild relatives from Bioversity International, evaluating 29 qualitative components and 6 quantitative components. The data collection was processed and analyzed by hierarchical clustering, correspondence analysis, principal components, and analysis of variance (ANVA) was performed for quantitative characteristics. Seven groups were formed based on their qualitative and quantitative characteristics of the 144 quinoa accessions with a similarity coefficient of 18%. The components that attributed 43.4% of the variability were maximum leaf width (C19) and the component with the lowest attribution was the shape of the main stem (C4). The standardized PCR protocol for the JAAS14 and JAAS67 primers included: initial denaturation at 95 °C for 3 minutes, followed by 38 cycles of denaturation at 95 °C for 40 seconds, annealing at a hybridization temperature between 58 °C and 61.4 °C for 40 seconds, and extension at 72 °C for 40 seconds. It was completed with a 5-minute extension at 72 °C. The JAAS14 primer showed more efficient and specific amplification than JAAS67.

Keywords: quinoa, phenotypic variability, accessions, PCR and InDel.

I. INTRODUCCIÓN

La quinua es considerada una especie con potencial agronómico en la región andina. En los dos últimos años, la producción nacional de quinua llegó a 113 355 toneladas. Ayacucho, desataca como la segunda región productora de quinua más importante del país, incrementando su participación en la producción nacional del 9,5 % al 21,0 % en las últimas décadas Ministerio de Desarrollo Agrario y Riego (MIDAGRI, 2023)

La quinua es una especie domesticada y cultivada en condiciones adversas de clima y suelo por miles de años, ha ido evolucionando en ambientes pobres; en determinados espacios tienden a desarrollar mecanismos para maximizar su utilización; en términos de evolución, sus genes prevalecen en el tiempo (Ccoyllar et al., 2021).

Además de su valor proteico, resistencia a la sequía y al frío, la convierten en una nueva alternativa para la seguridad alimentaria mundial y una herramienta para enfrentar situaciones climáticas cambiantes (Bazile y Fagandini, 2015). En términos económicos, la quinua se ha convertido en un componente clave para la exportación a través de las voces de la población andina, la conexión sociológica y el uso alimentario de este producto (Vargas et al., 2019)

Para la caracterización de componentes agromorfológicos cualitativos se recopila información de la identidad de las accesiones, así como para identificar duplicados, medir la variabilidad de lo que se está guardando; usando los descriptores para iniciar un programa de mejoramiento genético, establecimiento y purificación de los bancos de germoplasma en nuestra región (Becerra y Paredes, 2000)

Es importante realizar estudios de variabilidad en un banco de germoplasma; que permitan identificar líneas promisorias sobresalientes en atributos de interés como el rendimiento, índice de cosecha, calidad de grano, resistencia a enfermedades, tolerancia a sequía y salinidad, entre otras características relevantes. Asimismo, resulta importante el conocimiento del sistema reproductivo dada la amplia variación en inflorescencias, tipos florales, tipo de ramificación, número de ramas, longitud y ancho de las hojas. (Bhargava et al., 2007) (Fuentes et al., 2009)

La información sobre estas características, junto con los datos de pasaporte constituye la data esencial para cada una de las accesiones, permitiendo la creación de bases de datos regionales, nacionales e internacionales (Rojas et al., 2014)

Fernandes (2009) menciona que “la selección asistida por marcadores moleculares es una herramienta que tiene grandes ventajas dentro de los programas de mejoramiento” (pág.9)

El uso de marcadores InDel pueden ayudar a la selección eficiente de accesiones mutantes acelerando así el proceso de mejoramiento de la quinua; para así llevar a cabo programas de mejoramiento genético. Los objetivos de este trabajo de investigación fueron describir la variabilidad fenotípica del germoplasma de *Chenopodium quinoa* Willd de componentes agromorfológicos y estandarizar PCR para la obtención de bandas del marcador InDel, Ayacucho 2023.

II. MATERIALES Y MÉTODOS

Este trabajo de investigación se instaló en las parcelas experimentales del Instituto Nacional de Innovación Agraria – INIA-Canaán-Ayacucho a 2735 msnm (13° 10' 02" S y 74° 12' 26" O). clima seco, precipitación media anual de 475.27 mm con temperatura promedio 17.7 °C. Se realizó en diciembre del 2023 hasta agosto 2024. Posteriormente cumplí los trabajos de laboratorio.

Se evaluaron 143 accesiones de *Chenopodium quinoa* W. además de una accesión de quinua silvestre *Chenopodium spp.* (control) haciendo un total de 144 proporcionadas por el Banco de Germoplasma del Laboratorio de Genética y Biotecnología Vegetal-UNSCH, las cuales fueron recolectadas de las diferentes provincias de Ayacucho, Cusco, Apurímac y Huancayo.

Tabla 1

Lista de 144 accesiones de Chenopodium quinoa W. del Banco de Germoplasma del Laboratorio de Genética y Biotecnología Vegetal-UNSCH

N°	Trat	CODIGO	Fecha de colección	País	Departamento	Provincia	Distrito	Localidad	Altitud (msnm)
1	T1	UNSCHLGBVCHQ60405-1-2013	2013	Perú	Ayacucho	Sucre	Chalcos	Ayalca	3649
2	T2	UNSCHLGBVCHQ60405-6-2013	2013	Perú	Ayacucho	Sucre	Chalcos	Chalcos	3649
3	T3	UNSCHLGBVCHQ60405-7-2013	2013	Perú	Ayacucho	Sucre	Chilcayoc	Chilcayoc	3410
4	T4	UNSCHLGBVCHQ60405-9-2013	2013	Perú	Ayacucho	Sucre	Huamanga	Huamanga	2700
5	T5	UNSCHLGBVCHQ60405-10-2013	2013	Perú	Ayacucho	Huamanga	Huamanga	Huamanga	2700
6	T6	UNSCHLGBVCHQ60405-14-2013	2013	Perú	Ayacucho	Huamanga	Chontaca	Chontaca	2761
7	T7	UNSCHLGBVCHQ60405-293-2022	2022	Perú	Ayacucho	Lucanas	Chaviña	Chaviña	3210
8	T8	UNSCHLGBVCHQ60405-294-2022	2022	Perú	Ayacucho	Lucanas	Chaviña	Chaviña	3210
9	T9	UNSCHLGBVCHQ60405-295-2022	2022	Perú	Ayacucho	Lucanas	Chaviña	Chaviña	3210
10	T10	UNSCHLGBVCHQ60405-296-2023	2013	Perú	Ayacucho	Lucanas	Chaviña	Chaviña	3210
11	T11	UNSCHLGBVCHQ60405-24-2013	2013	Perú	Ayacucho	Huamanga	Huamanga	Acocro	2761
12	T12	UNSCHLGBVCHQ60405-25-2013	2013	Perú	Junín	Huancayo	Huancayo	Huancayo	3271
13	T13	UNSCHLGBVCHQ60405-27-2013	2013	Perú	Ayacucho	Huancasancos	Huancasancos	Huancasancos	3420
14	T14	UNSCHLGBVCHQ60405-28-2013	2013	Perú	Ayacucho	Huancasancos	Huancasancos	Huancasancos	3422
15	T15	UNSCHLGBVCHQ60405-30-2013	2013	Perú	Ayacucho	Huamanga	Acocro	Acocro	2761
16	T16	UNSCHLGBVCHQ60405-31-2013	2013	Perú	Ayacucho	La Mar	tambo	Tambo	3499
17	T17	UNSCHLGBVCHQ60405-32-2013	2013	Perú	Ayacucho	Sucre	chalcos	Ayalca	3649
18	T18	UNSCHLGBVCHQ60405-35-2013	2013	Perú	Junín	Huancayo	hualhuas	Hualhuas	3271
19	T19	UNSCHLGBVCHQ60405-297-2022	2022	Perú	Ayacucho	Lucanas	Chaviña	Chaviña	3210
20	T20	UNSCHLGBVCHQ60405-39-2013	2013	Perú	Ayacucho	Sucre	Querobamba	Querobamba	3508
21	T21	UNSCHLGBVCHQ60405-40-2013	2013	Perú	Junín	Huancavelica	Huancavelica	Huancavelica	5228
22	T22	UNSCHLGBVCHQ60405-41-2013	2013	Perú	Ayacucho	Víctor Fajardo	Víctor Fajardo	Víctor Fajardo	3102
23	T23	UNSCHLGBVCHQ60405-46-2013	2013	Perú	Ayacucho	Huamanga	Huamanga	Huamanga	2761
24	T24	UNSCHLGBVCHQ60405-47-2013	2013	Perú	Ayacucho	Huamanga	Huamanguilla	Huamanguilla	2760
25	T25	UNSCHLGBVCHQ60405-48-2013	2013	Perú	Ayacucho	Huamanga	Huamanguilla	Huamanguilla	2761
26	T26	UNSCHLGBVCHQ60405-49-2013	2013	Perú	Ayacucho	Huamanga	Vinchos	Vinchos	3150
27	T27	UNSCHLGBVCHQ60405-56-2013	2013	Perú	Ayacucho	Huamanga	Circamarca	Circamarca	3537
28	T28	UNSCHLGBVCHQ60405-57-2013	2013	Perú	Junín	Huancavelica	Angaraes	Angaraes	5228
29	T29	UNSCHLGBVCHQ60405-58-2013	2013	Perú	Ayacucho	Huamanga	Vinchos	Rosaspata	3150
30	T30	UNSCHLGBVCHQ60405-59-2013	2023	Perú	Ayacucho	Huamanga	Andrés A. Cáceres	Canaán	2763
31	T31	UNSCHLGBVCHQ60405-61-2013	2013	Perú	Ayacucho	Vilcas Huamán	Vilcas Huamán	Carhuanca	3471
32	T32	UNSCHLGBVCHQ60405-67-2013	2013	Perú	Ayacucho	Huamanga	Iguain	Macachacra	3025
33	T33	UNSCHLGBVCHQ60405-298-2022	2022	Perú	Ayacucho	Lucanas	Chaviña	Chaviña	3210
34	T34	UNSCHLGBVCHQ60405-70-2013	2013	Perú	Ayacucho	Huamanga	Huamanguilla	Huamanguilla	3276
35	T35	UNSCHLGBVCHQ60405-72-2013	2013	Perú	Ayacucho	Huamanga	Vinchos	Vinchos	3150
36	T36	UNSCHLGBVCHQ60405-76-2013	2013	Perú	Ayacucho	Huamanga	Ceccelambras	Ceccelambras	3050
37	T37	UNSCHLGBVCHQ60405-78-2013	2013	Perú	Ayacucho	Víctor Fajardo	Víctor Fajardo	Víctor Fajardo	3102
38	T38	UNSCHLGBVCHQ60405-80-2013	2013	Perú	Junín	Huancayo	Huancayo	Huancayo	3271
39	T39	UNSCHLGBVCHQ60405-83-2013	2013	Perú	Ayacucho	Sucre	Chilcayoc	Chilcayoc	3410
40	T40	UNSCHLGBVCHQ60405-85-2013	2013	Perú	Ayacucho	Huamanga	Ceccelambras	Ceccelambras	3050
41	T41	UNSCHLGBVCHQ60405-86-2013	2013	Perú	Ayacucho	Vilcas Huamán	Millpo	Millpo	3470
42	T42	UNSCHLGBVCHQ60405-87-2013	2013	Perú	Ayacucho	Cangallo	Cangallo	Nueva Esperanza	2570
43	T43	UNSCHLGBVCHQ60405-115-2013	2013	Perú	Ayacucho	Puquio	Puquio	Puquio	3214
44	T44	UNSCHLGBVCHQ60405-299-2022	2022	Perú	Ayacucho	Lucanas	Chaviña	Chaviña	3210
45	T45	UNSCHLGBVCHQ60405-120-2013	2013	Perú	Ayacucho	Puquio	Puquio	Puquio	3214
46	T46	UNSCHLGBVCHQ60405-125-2013	2013	Perú	Ayacucho	Parinacochas	Parinacochas	Parinacochas	3178
47	T47	UNSCHLGBVCHQ60405-126-2013	2013	Perú	Ayacucho	Parinacochas	Parinacochas	Parinacochas	3179
48	T48	UNSCHLGBVCHQ60405-129-2013	2013	Perú	Ayacucho	Parinacochas	Parinacochas	Parinacochas	3180
49	T49	UNSCHLGBVCHQ60405-133-2013	2013	Perú	Ayacucho	Paucar del Sara	Pauza	Pauza	2518
50	T50	UNSCHLGBVCHQ60405-134-2013	2013	Perú	Ayacucho	Paucar del Sara	Pauza	Pauza	2519

51	T51	UNSCHLGBVCHQ60405-137-2013	2013	Perú	Puno	Puno	Paucarcolla	Paucarcolla	3815
52	T52	UNSCHLGBVCHQ60405-138-2013	2013	Perú	Puno	Puno	Paucarcolla	Paucarcolla	3815
53	T53	UNSCHLGBVCHQ60405-140-2013	2013	Perú	Puno	Puno	Paucarcolla	Paucarcolla	3815
54	T54	UNSCHLGBVCHQ60405-141-2013	2013	Perú	Puno	Puno	Paucarcolla	Paucarcolla	3815
55	T55	UNSCHLGBVCHQ60405-144-2013	2013	Perú	Puno	Puno	Paucarcolla	Paucarcolla	3815
56	T56	UNSCHLGBVCHQ60405-146-2013	2013	Perú	Puno	Puno	Paucarcolla	Paucarcolla	3815
57	T57	UNSCHLGBVCHQ60405-147-2013	2013	Perú	Puno	Puno	Paucarcolla	Paucarcolla	3815
58	T58	UNSCHLGBVCHQ60405-148-2013	2013	Perú	Puno	Puno	Paucarcolla	Paucarcolla	3815
59	T59	UNSCHLGBVCHQ60405-151-2013	2013	Perú	Puno	Puno	Paucarcolla	Paucarcolla	3815
60	T60	UNSCHLGBVCHQ60405-152-2013	2013	Perú	Puno	Puno	Paucarcolla	Paucarcolla	3815
61	T61	UNSCHLGBVCHQ60405-153-2013	2013	Perú	Puno	Puno	Paucarcolla	Paucarcolla	3815
62	T62	UNSCHLGBVCHQ60405-154-2013	2013	Perú	Puno	Puno	Paucarcolla	Paucarcolla	3815
63	T63	UNSCHLGBVCHQ60405-155-2013	2013	Perú	Puno	Puno	Paucarcolla	Paucarcolla	3815
64	T64	UNSCHLGBVCHQ60405-157-2013	2013	Perú	Puno	Puno	Paucarcolla	Paucarcolla	3815
65	T65	UNSCHLGBVCHQ60405-158-2013	2013	Perú	Puno	Puno	Paucarcolla	Paucarcolla	3815
66	T66	UNSCHLGBVCHQ60405-159-2013	2013	Perú	Puno	Puno	Paucarcolla	Paucarcolla	3815
67	T67	UNSCHLGBVCHQ60405-160-2013	2013	Perú	Puno	Puno	Paucarcolla	Paucarcolla	3815
68	T68	UNSCHLGBVCHQ60405-161-2013	2013	Perú	Puno	Puno	Paucarcolla	Paucarcolla	3815
69	T69	UNSCHLGBVCHQ60405-162-2013	2013	Perú	Puno	Puno	Paucarcolla	Paucarcolla	3815
70	T70	UNSCHLGBVCHQ60405-163-2013	2013	Perú	Puno	Puno	Paucarcolla	Paucarcolla	3815
71	T71	UNSCHLGBVCHQ60405-164-2013	2013	Perú	Puno	Puno	Paucarcolla	Paucarcolla	3815
72	T72	UNSCHLGBVCHQ60405-300-2022	2022	Perú	Ayacucho	Ayacucho	Puquio	Chaviña	3210
73	T73	UNSCHLGBVCHQ60405-166-2013	2013	Perú	Puno	Puno	Paucarcolla	Paucarcolla	3815
74	T74	UNSCHLGBVCHQ60405-167-2013	2013	Perú	Puno	Puno	Paucarcolla	Paucarcolla	3815
75	T75	UNSCHLGBVCHQ60405-168-2013	2013	Perú	Puno	Puno	Paucarcolla	Paucarcolla	3815
76	T76	UNSCHLGBVCHQ60405-169-2013	2013	Perú	Puno	Puno	Paucarcolla	Paucarcolla	3815
77	T77	UNSCHLGBVCHQ60405-170-2013	2013	Perú	Puno	Puno	Paucarcolla	Paucarcolla	3815
78	T78	UNSCHLGBVCHQ60405-171-2013	2013	Perú	Puno	Puno	Paucarcolla	Paucarcolla	3815
79	T79	UNSCHLGBVCHQ60405-174-2015	2015	Perú	Ayacucho	Huamanga	Huamanga	LGBV-UNSCH	2760
80	T80	UNSCHLGBVCHQ60405-176-2015	2015	Perú	Ayacucho	Huamanga	Huamanga	LGBV-UNSCH	2760
81	T81	UNSCHLGBVCHQ60405-179-2015	2015	Perú	Ayacucho	Huamanga	Huamanga	LGBV-UNSCH	2760
82	T82	UNSCHLGBVCHQ60405-193-2015	2015	Perú	Ayacucho	Huamanga	Huamanga	LGBV-UNSCH	2760
83	T83	UNSCHLGBVCHQ60405-208-2015	2015	Perú	Ayacucho	Huamanga	Huamanga	LGBV-UNSCH	2760
84	T84	UNSCHLGBVCHQ60405-209-2015	2015	Perú	Ayacucho	Huamanga	Huamanga	LGBV-UNSCH	2760
85	T85	UNSCHLGBVCHQ60405-210-2015	2015	Perú	Ayacucho	Huamanga	Huamanga	LGBV-UNSCH	2760
86	T86	UNSCHLGBVCHQ60405-212-2015	2015	Perú	Ayacucho	Huamanga	Huamanga	LGBV-UNSCH	2760
87	T87	UNSCHLGBVCHQ60405-213-2015	2015	Perú	Ayacucho	Huamanga	Huamanga	LGBV-UNSCH	2760
88	T88	UNSCHLGBVCHQ60405-214-2015	2015	Perú	Ayacucho	Huamanga	Huamanga	LGBV-UNSCH	2760
89	T89	UNSCHLGBVCHQ60405-215-2015	2015	Perú	Ayacucho	Huamanga	Huamanga	LGBV-UNSCH	2760
90	T90	UNSCHLGBVCHQ60405-216-2015	2015	Perú	Ayacucho	Huamanga	Huamanga	LGBV-UNSCH	2760
91	T91	UNSCHLGBVCHQ60405-217-2015	2015	Perú	Ayacucho	Huamanga	Huamanga	LGBV-UNSCH	2760
92	T92	UNSCHLGBVCHQ60405-218-2015	2015	Perú	Ayacucho	Huamanga	Huamanga	LGBV-UNSCH	2760
93	T93	UNSCHLGBVCHQ60405-219-2015	2015	Perú	Ayacucho	Huamanga	Huamanga	LGBV-UNSCH	2760
94	T94	UNSCHLGBVCHQ60405-220-2015	2015	Perú	Ayacucho	Huamanga	Huamanga	LGBV-UNSCH	2760
95	T95	UNSCHLGBVCHQ60405-221-2015	2015	Perú	Ayacucho	Huamanga	Huamanga	LGBV-UNSCH	2760
96	T96	UNSCHLGBVCHQ60405-223-2015	2015	Perú	Ayacucho	Huamanga	Huamanga	LGBV-UNSCH	2760
97	T97	UNSCHLGBVCHQ60405-225-2015	2015	Perú	Ayacucho	Huamanga	Huamanga	LGBV-UNSCH	2760
98	T98	UNSCHLGBVCHQ60405-226-2015	2015	Perú	Ayacucho	Huamanga	Huamanga	LGBV-UNSCH	2760
99	T99	UNSCHLGBVCHQ60405-227-2015	2015	Perú	Ayacucho	Huamanga	Huamanga	LGBV-UNSCH	2760
100	T100	UNSCHLGBVCHQ60405-228-2015	2015	Perú	Ayacucho	Huamanga	Huamanga	LGBV-UNSCH	2760
101	T101	UNSCHLGBVCHQ60405-230-2015	2015	Perú	Ayacucho	Huamanga	Huamanga	LGBV-UNSCH	2760
102	T102	UNSCHLGBVCHQ60405-231-2015	2015	Perú	Ayacucho	Huamanga	Huamanga	LGBV-UNSCH	2760
103	T103	UNSCHLGBVCHQ60405-232-2015	2015	Perú	Ayacucho	Huamanga	Huamanga	LGBV-UNSCH	2760
104	T104	UNSCHLGBVCHQ60405-233-2015	2015	Perú	Ayacucho	Huamanga	Huamanga	LGBV-UNSCH	2760
105	T105	UNSCHLGBVCHQ60405-234-2015	2015	Perú	Ayacucho	Huamanga	Huamanga	LGBV-UNSCH	2760
106	T106	UNSCHLGBVCHQ60405-238-2022	2022	Perú	Ayacucho	Huamanga	Andrés A. Cáceres	CANAÁN-INIA	2760
107	T107	UNSCHLGBVCHQ60405-239-2022	2022	Perú	Ayacucho	La mar	San Miguel	San Miguel	2661
108	T108	UNSCHLGBVCHQ60405-240-2022	2022	Perú	Ayacucho	La mar	San Miguel	San Miguel	2661
109	T109	UNSCHLGBVCHQ60405-241-2022	2022	Perú	Ayacucho	Huamanga	Andrés A. Cáceres	CANAÁN-INIA	2760
110	T110	UNSCHLGBVCHQ60405-242-2022	2022	Perú	Ayacucho	La mar	Tambo	Tambo	3319
111	T111	UNSCHLGBVCHQ60405-243-2022	2022	Perú	Ayacucho	Huamanga	Andrés A. Cáceres	CANAÁN-INIA	2760
112	T112	UNSCHLGBVCHQ60405-245-2022	2022	Perú	Ayacucho	Vilcas Huamán	Vilcas Huaman	Vilcas Huamán	3490
113	T113	UNSCHLGBVCHQ60405-246-2022	2022	Perú	Ayacucho	Sucre	Querobamba	Querobamba	4370
114	T114	UNSCHLGBVCHQ60405-247-2022	2022	Perú	Ayacucho	Sucre	Querobamba	Querobamba	4371
115	T115	UNSCHLGBVCHQ60405-248-2022	2022	Perú	Ayacucho	Sucre	Querobamba	Querobamba	4370
116	T116	UNSCHLGBVCHQ60405-249-2022	2022	Perú	Ayacucho	La mar	San Miguel	San Miguel	2661
117	T117	UNSCHLGBVCHQ60405-253-2022	2022	Perú	Puno	Puno	Puno	Puno	3827
118	T118	UNSCHLGBVCHQ60405-260-2022	2022	Perú	Ayacucho	Acocro	Chontaca	Chontaca	3245
119	T119	UNSCHLGBVCHQ60405-261-2022	2022	Perú	Ayacucho	Huamanga	Andrés A. Cáceres	CANAÁN-INIA	2760
120	T120	UNSCHLGBVCHQ60405-262-2022	2022	Perú	Ayacucho	Huamanga	Andrés A. Cáceres	CANAÁN-INIA	2760
121	T121	UNSCHLGBVCHQ60405-264-2022	2022	Perú	Ayacucho	Huamanga	Chiara	Allpachaca	3583
122	T122	UNSCHLGBVCHQ60405-293-2022	2022	Perú	Ayacucho	Lucanas	Chaviña	Chaviña	3210
123	T123	UNSCHLGBVCHQ60405-266-2022	2022	Perú	Ayacucho	Huamanga	Andrés A. Cáceres	CANAÁN-INIA	2760
124	T124	UNSCHLGBVCHQ60405-267-2022	2022	Perú	Ayacucho	Huamanga	Andrés A. Cáceres	CANAÁN-INIA	2760
125	T125	UNSCHLGBVCHQ60405-270-2022	2022	Perú	Ayacucho	Huamanga	Chiara	Manallasacc	3580
126	T126	UNSCHLGBVCHQ60405-271-2022	2022	Perú	Ayacucho	Acocro	Chontaca	Chontaca	3245
127	T127	UNSCHLGBVCHQ60405-272-2022	2022	Perú	Ayacucho	Acocro	Chontaca	Chontaca	3245
128	T128	UNSCHLGBVCHQ60405-274-2022	2022	Perú	Ayacucho	Huancasancos	Huancasancos	Huancasancos	3525
129	T129	UNSCHLGBVCHQ60405-275-2022	2022	Perú	Junín	Huancayo	Huancayo	Huancayo	3259
130	T130	UNSCHLGBVCHQ60405-277-2022	2022	Perú	Ayacucho	Huamanga	Andrés A. Cáceres	CANAÁN-INIA	2760
131	T131	UNSCHLGBVCHQ60405-278-2022	2022	Perú	Ayacucho	Huamanga	Chiara	Huamanga	3580
132	T132	UNSCHLGBVCHQ60405-279-2022	2022	Perú	Ayacucho	Huamanga	Chiara	Huamanga	3580
133	T133	UNSCHLGBVCHQ60405-280-2022	2022	Perú	Ayacucho	Lucanas	Lucanas	Chaviña	3210
134	T134	UNSCHLGBVCHQ60405-281-2022	2022	Perú	Ayacucho	Lucanas	Lucanas	Chaviña	3210
135	T135	UNSCHLGBVCHQ60405-282-2022	2022	Perú	Ayacucho	Lucanas	Lucanas	Chaviña	3210
136	T136	UNSCHLGBVCHQ60405-283-2022	2022	Perú	Ayacucho	Lucanas	Lucanas	Chaviña	3210

137	T137	UNSHLGBVCHQ60405-284-2022	2022	Perú	Ayacucho	Lucanas	Lucanas	Chaviña	3210
138	T138	UNSHLGBVCHQ60405-285-2022	2022	Perú	Ayacucho	Lucanas	Lucanas	Chaviña	3210
139	T139	UNSHLGBVCHQ60405-286-2022	2022	Perú	Ayacucho	Lucanas	Lucanas	Chaviña	3210
140	T140	UNSHLGBVCHQ60405-287-2022	2022	Perú	Ayacucho	Lucanas	Lucanas	Chaviña	3210
141	T141	UNSHLGBVCHQ60405-288-2022	2022	Perú	Ayacucho	Lucanas	Lucanas	Chaviña	3210
142	T142	UNSHLGBVCHQ60405-289-2022	2022	Perú	Ayacucho	Lucanas	Lucanas	Chaviña	3210
143	T143	UNSHLGBVCHQ60405-290-2022	2022	Perú	Ayacucho	Lucanas	Lucanas	Chaviña	3210
144	T144	UNSHLGBVCHQ60405-291-2022	2022	Perú	Ayacucho	Lucanas	Lucanas	Chaviña	3210

2.1. Diseño experimental

Se utilizó el diseño experimental Látese Simple 12×12 con dos repeticiones. Modelo aditivo lineal(MAL): $\mu + Ti + Bj + Sk + eei jk$. Cada UE (3m x 2.4 m) cada uno conformado por 3 surcos, con una densidad de plantación de 60 und, cada bloque estuvo conformado por 144 unidades experimentales, con un área total de 3502.08m²; en donde las accesiones fueron representadas por tratamientos.

2.2. Características físicoquímicas del suelo

En base a los reportes de análisis de suelo, ofrece buen nivel de nutrientes para el cultivo, se tiene un pH de 7.7(ligeramente alcalino), una CE de dS/m (conductividad alta), CaCO₃ =3.5% (muy bajo), MO = 1.66% (pobre), N total en nivel pobre (0.08%), P disponible =25.2 ppm (nivel medio) y K disponible = 683.7 ppm (nivel muy alto). Con una clase textural franca.

La dosis de abonamiento fue de 80-80-40 kg/ha. Las fuentes empleadas fueron urea y fosfato di amónico y cloruro de potasio complementado con ácidos húmicos(60mL/20L) El abonamiento nitrogenado se fraccionó en dos partes a la siembra y en el aporque.

2.3. Manejo agronómico

Se realizó preparación de terreno de forma mecanizada, empezando por la roturación del suelo con un arado de disco y luego se pasó la rastra para mullir el suelo. Posteriormente se realizó el surcado a un distanciamiento de 0.80m a una profundidad de 10cm.

La siembra se realizó de forma manual. Las semillas se colocaron a chorro continuo en el costillar del surco. La densidad fue de 10 kg/ha para todas las accesiones de quinua.

Se realizó la instalación de riego por goteo el cual fue necesario en la primera etapa del cultivo. El desahije y ronguing se realizaron cuando las plantas alcanzaron un tamaño aproximado de 30cm. Se realizó el embolsado cubriendo la panoja de tres plantas del surco central, de acuerdo a las fases de floración, utilizando papel vegetal. Se realizó de forma manual a los 30 dds y otros complementarios cada 30días. El aporque se realizó en el momento del desahije y se utilizó esta labor para cubrir la urea de la aplicación complementaria del nitrógeno.

El control de gusanos de tierra se realizó con riegos pesados. Se combatieron dos enfermedades:

- Chupadera fungosa, tratada con Botryzim (Carbendazim) a los 7 y 14 días tras la emergencia.
- Mildiú (*Peronospora variabilis*), controlado con tres aplicaciones de Moxan (Mancozeb) (80 g/20 L de agua + 5 mL de adherente)

La cosecha se realizó de acuerdo a la madurez fisiológica de cada accesión.

2.4. Caracterización de la variabilidad de 144 accesiones del germoplasma de *Chenopodium quinoa* Willd basado en componentes agromorfológicos.

La caracterización agromorfológica se realizó utilizando el descriptor morfológico de *Chenopodium quinoa* y parientes silvestres de Bioversity International (FAO, 2013), evaluando en las fases fenológicas de crecimiento vegetativo, floración y madurez fisiológica; tomando datos de las plantas ubicadas en el surco central para evitar efecto borde. Incluyen 35 descriptores (29 cualitativas y 6 cuantitativas)

2.5. Análisis estadístico

Los cálculos se realizarán haciendo uso del programa Rstudio para el análisis de caracteres cualitativos se realizó la distribución de frecuencias, agrupamiento jerárquico de cluster, análisis de componentes principales, análisis de correspondencia y para los datos cuantitativos se realizó análisis de varianza (ANOVA, $\alpha=0.05$)

2.6. Metodología de estandarización de PCR para marcador InDel

2.6.1. Extracción de ADN

Se realizó la extracción de hojas tiernas siguiendo el protocolo CTAB2X con nitrógeno líquido, este protocolo se fue estandarizando con algunas modificaciones en el Laboratorio de Genética y Biotecnología Vegetal -FCA de la Universidad San Cristóbal de Huamanga.

2.6.2. Cuantificación de ADN extraído

Se evaluó la calidad y cantidad (por espectrofotometría) y la integridad mediante electroforesis.

2.6.3. Pre Reacción en cadena polimerasa (PCR)

Se homogenizo ADN a una concentración de 90 ng/ μ L con agua libre de nucleasas (NFW) utilizando las lecturas del espectrofotómetro. Los componentes de amplificación para PCR, contiene Mgcl₂, dNTPs, Taq polimerasa en las proporciones (Tabla 2).

Tabla 2

Master Mix o componentes de amplificación de PCR para 11 reacciones basado en recomendaciones de Zhang et al., 2017

	[] °	[] f	Volumen 1Rx(μ L)	11RX
NFW	--	--	10.8	119
Buffer	5X	1x	5	55
Mgcl ₂	25uM	2.5mM	2.5	27.5
dNTPs	10uM	0.25mM	2.5	27.5
Forwards	100uM	1mM	1	11
Reverse	10uM	1mM	1	11
Taq polimerasa	5U/ μ L	0.5U	0.2	2.2
ADN	x	50ng/ μ L	2	...
Volumen final			25	

Nota. El Forward y Reverse fueron tomados de los antecedentes de (Zhang et al., 2017) . 1Rx: 1 reacción, 11 Rx: 11 reacciones.

Se utilizó primers para marcadores InDel dimórficos (JAAS14, JAAS67) desarrollados por (Zhang et al., 2017) cuyas secuencias de DNA (Tabla 2.6)

Tabla 3

Características de las secuencias nucleotídicas de los primers dirigidos a marcadores InDel (Zhang et al., 2017)

Primer Name	Primer sequence		Maximum	Minimum	BLAST Lenght
	Forward	Reverse			
JAAS14	5'CAACTCGAACAAC	5'ACCACTACCACCA	206	150	
	CCTAAACTGC 3'	CCAACTTTCC3'			
JAAS67	5'TGCTGACGCTGAA	5'GGTAGATTTCGGG	288	188	188
	TCCTGAGAC3'	CTTCGAGTTG3'			

2.6.4. Reacción en cadena de polimerasa (PCR)

El perfil térmico para la amplificación de los primers para marcadores InDel (JAAS 14 y JAAS67) fueron los siguientes:

Temperatura inicial previo a la desnaturalización a 95 °C durante 3 minutos. 38 ciclos de 95 °C por 40 s (Desnaturalización), gradiente de temperatura 52.9 – 63 °C por 40 s (Annealing), 72 °C por 40 s (Extensión); y 72 °C durante 5 minutos (Extensión final). Se realizó en termociclador DLAB TC 1000-G.

Tabla 4

Programa de amplificación para el marcador InDel

Programa de amplificación de marcador InDel			
1 ciclo	Desnaturalización inicial	95 ° C	3 min
	Desnaturalización	95 ° C	40 s
36 ciclos	Alineamiento	52.9° - 63 °C	40 s
	Extensión	72 ° C	40 s
	Extensión final	72 ° C	5 min

Finalmente se realizó el scoreado de las bandas de ADN con los marcadores InDel en forma cualitativa (presencia o ausencia) en cada accesión de quinua mediante electroforesis en gel de agarosa al 3% durante 40 minutos a 120 V.

III. RESULTADOS Y DISCUSIÓN

3.1. Análisis global de agrupamiento clúster

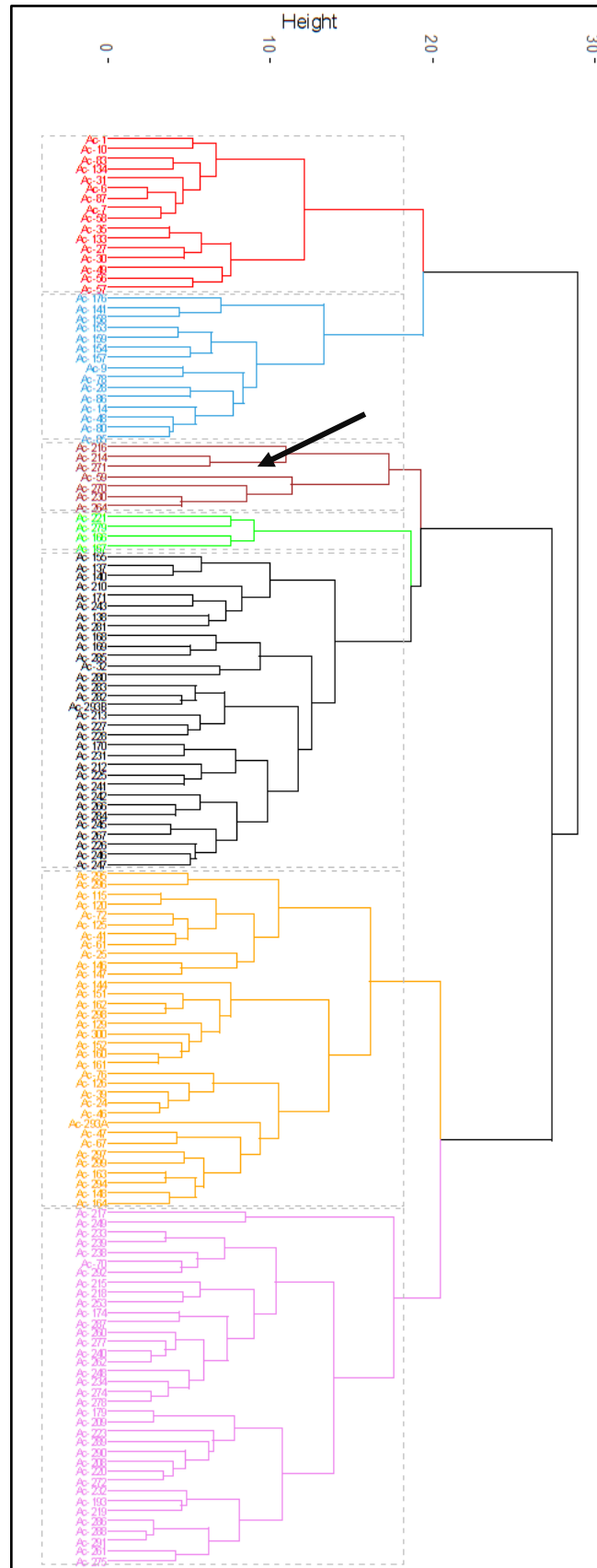
Se trabajó con 35 descriptores para *Chenopodium quinoa* y parientes silvestres los cuales fueron consolidados y ordenado en una matriz de tal forma se elaboró un clúster jerárquico. Se uso el índice de Hubert para la determinación de número óptimo de agrupamiento clúster o dendograma.

En el agrupamiento clúster (Figura 1) se logró formar 7 subgrupos con coeficiente de similitud de 18.0%. En el primer subgrupo (color rojo) están agrupados 16 accesiones; segundo, 15 accesiones; tercero, 7 accesiones; cuarto, 4 accesiones; quinto, 32 accesiones; sexto, 34 accesiones y en el séptimo, 36 accesiones; en global haciendo un total de 144 accesiones. Las accesiones que están agrupadas en cada subgrupo, significan que entre ellos hay similitud morfológica, es decir, probablemente las distancias genéticas entre ellos son muy cercanas, por lo que logran formarse en un subgrupo en común. Mientras, entre los subgrupos distintos (colores distintos), las distancias genéticas son más lejanas, por lo que la diferencia morfológica entre esos individuos es mucho mayor. Sin embargo, aquí no se agrupan todas por su lugar de mismo lugar de origen, lo que indica variabilidad de accesiones dentro de una región. Bhargava et al. (2007) mencionan que el hecho de la selección a través de los años por los agricultores, podrían explicar esta diversidad.

En este trabajo de investigación se utilizó como testigo a la quinua silvestre (*Chenopodium spp.*), esta accesión está codificado como “Acc-59”, formando parte del tercer subgrupo (color marrón) conjuntamente con las demás 7 accesiones. Esto indica que el testigo tiene similitud morfológica y cuantitativa con este subgrupo, más aún con las accesiones 270, 230 y 264. En el dendograma, también se puede ver otros pequeños grupos de accesiones que se alejan del resto, (221, 279, 166 y 167); por lo tanto, deducimos que estas accesiones comparten características cercanas en común.

Figura 1

Clúster jerárquico de las 144 accesiones de quinua (*Chenopodium quinoa* W.) construido a partir de los datos cualitativos y cuantitativos (35 descriptores)

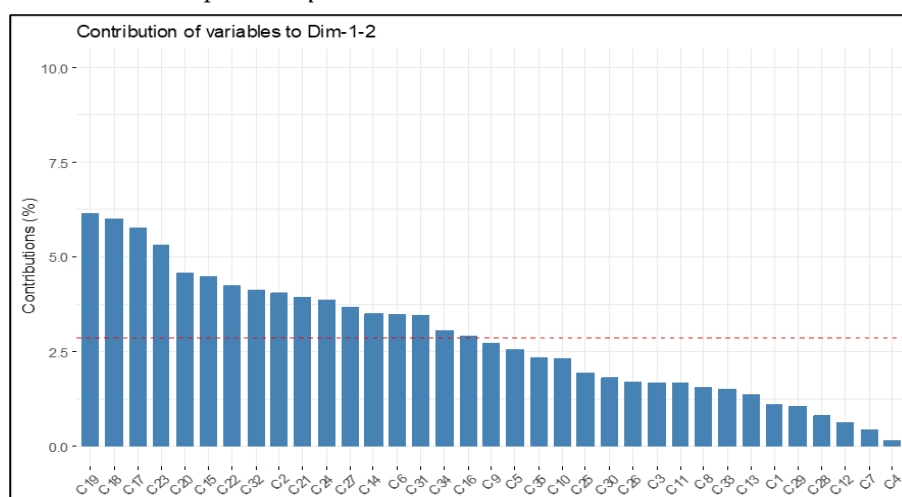


3.2. Análisis de componentes principales

En la Figura 2 se muestra contribución de cada componente o descriptor en la variabilidad genética morfológica, donde cada componente se muestra en orden de mayor a menor según su grado de aporte en variabilidad morfológica. Los componentes C19 (Ancho máxima de la hoja), C18 (longitud máxima de la hoja) y C17 (Longitud del peciolo) contribuyeron más a la variabilidad morfológica; es decir, estas características mencionadas hacen que exista más variabilidad morfológica de accesiones. Por otra parte, se observa que los componentes C7 (Presencia de estrías) y C4 (Forma de tallo principal) aportaron muy poco en la variabilidad.

Figura 2

Contribución a la variabilidad morfológica de los componentes principales o descriptores morfológicos de de Chenopodium quinoa W.



Nota. Cada uno de los 35 descriptores se analizó como un componente (C) principal que aporta en distintos grados a la variabilidad morfológica de las accesiones.

A diferencia a los resultados de Vergara et al. (2020), en donde menciona que para el cultivo de quinua es posible utilizar marcadores genéticos morfológicos con las conformaciones de los dientes o lóbulos de la hoja y su tonalidad, en cambio, la longitud de los pecíolos no son buenos marcadores debido a la baja variabilidad genética. Sin embargo, en este estudio la longitud del peciolo es buen marcador morfológico. Nuestros resultados estuvieron de acuerdo a lo observado por Castro et al. (2023) en donde concluyen que el diámetro de la panoja, longitud de la panoja, la longitud del peciolo, altura de la planta, el ancho de la hoja, el rendimiento, el color del tallo y el color de las estrías, muestran mayor variabilidad fenotípica.

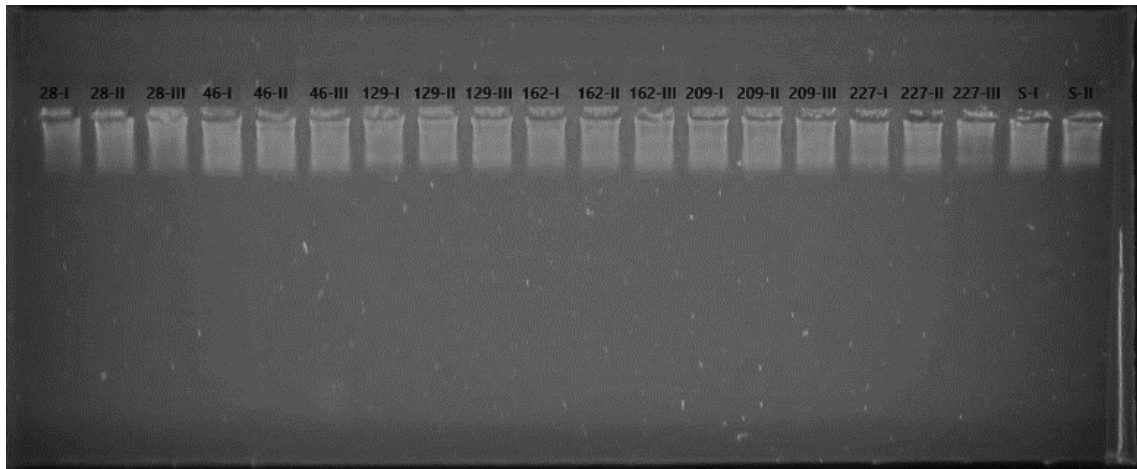
3.3. Análisis de correspondencia

En la figura 3 se muestra distribución individual de las 144 accesiones de quinua en un plano bidimensional de acuerdo a sus 35 características (6 caracteres cuantitativas y 29 cualitativas). En la figura se muestra 4 cuadrantes, en cada uno de ellos hay un grupo de accesiones con ciertos caracteres similares; asimismo, las accesiones en este plano se

Nº	Muestra	[ADN] ng/UL	A260/A280 1.8-2.0
1	46	136.3	1.8
2	129	187.5	2.5
3	144	141.3	2.0
4	167	99.7	1.87
5	225	99.3	2.0
6	228	125.3	1.9
7	216	103.3	2.0
8	281	99.1	2.0
9	285	283.8	2.1
10	SIL	270	2.1

Figura 4

Fotodocumentación de la integridad del ADN mediante electroforesis en gel de agarosa al 2 % a 90 V por 60 minutos



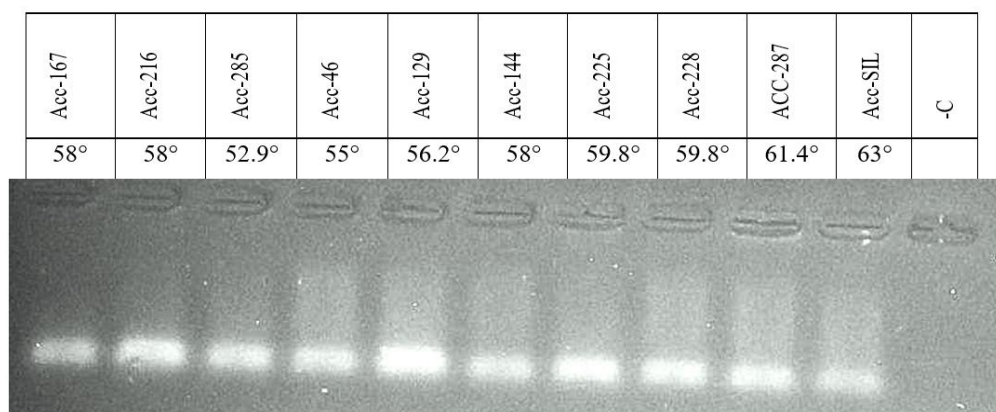
3.2.2. Estandarización de PCR punto final con gradiente de temperaturas

Se probó el perfil térmico con gradiente de temperaturas aproximándonos a la temperatura de annealing seguido por (Zhang, 2017), desde 52.9 °C hasta 63 °C en 10 muestras de ADN de *Chenopodium quinoa* W.

En la Figura 3 y Figura 4 se muestran las fotodocumentaciones del PCR con el perfil térmico utilizando los primers JAAS 14 y JAAS 67. Ambas reacciones funcionaron bien en el rango de 58 °C a 61,4 °C, pero JAAS14 también mostró buena amplificación a temperaturas más bajas.

Figura 5

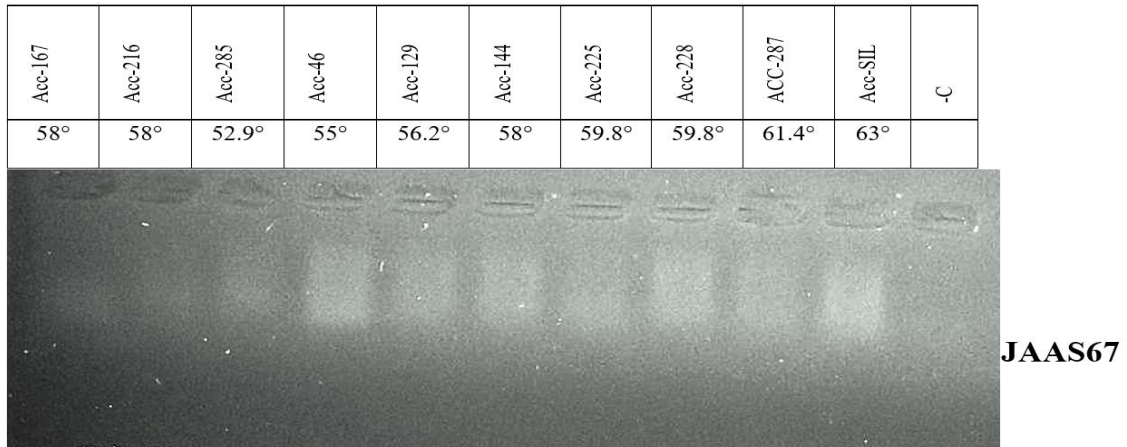
Fotodocumentación de la amplificación de PCR para el primer JAAS 14 en 10 accesiones de quinua (167, 216, 285, 46, 129, 144, 225, 228, 287 y Silvestre) en gel de agarosa al 3% durante 60 min a 100 V. -C: control



JAAS14

Figura 6

Fotodocumentación de la amplificación de PCR para el primer JAAS 67 en 10 accesiones de quinua (167, 216, 285, 46, 129, 144, 225, 228, 287 y Silvestre) en gel de agarosa al 3% durante 60 min a 100 V. -C: control



Emrani et al. (2020) utilizó marcadores Indel para examinar plantas F1, porque se puede visualizar rápidamente en un gel de agarosa, mediante PCR en donde las condiciones de fueron amplificación: 94 °C durante 5 min como desnaturalización inicial, 35 ciclos de: 30 s a 94 °C, 30 s a la temperatura de hibridación del par de cebadores y 30 s a 72 °C y un paso de extensión final de 10 min a 72 °C, en donde se muestran dos bandas en gel de agarosa al 3% durante 60 minutos a 100V.

CONCLUSIONES

1. Se evaluó la variabilidad fenotípica de 144 accesiones de quinua según características agromorfológicas, agrupadas en 7 grupos con un 18% de similitud. Se identificaron subgrupos en tallo, ramificación, hoja, inflorescencia, grano y caracteres vegetativos. El ancho máximo de la hoja (C19) contribuyó con un 43.4% de la variabilidad, mientras que la forma del tallo principal (C4) tuvo la menor contribución. Las variables cuantitativas analizadas fueron estadísticamente significativas, con coeficientes de variación entre 8.79-13.48%.
2. El protocolo estandarizado PCR para el primer JAAS14 y JAAS67 que amplifican marcador InDel fueron las siguientes: desnaturalización inicial a 95 °C durante 3 minutos, seguida de 38 ciclos compuestos por desnaturalización a 95 °C durante 40 segundos, alineamiento de los cebadores a una temperatura de hibridación entre 58 °C y 61.4 °C (correspondiente a la temperatura de fusión o Tm de los primers) durante 40 segundos, y extensión a 72 °C durante 40 segundos. Para finalizar, se realizó una extensión final de 5 minutos a 72 °C. El primer JAAS14 generó una amplificación más eficiente o específica en comparación con JAAS67.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Alfaro Mendivil, E. (2013). Establecimiento del Banco Regional de Germoplasma y caracterización fenotípica de accesiones de quinua (*Chenopodium quinoa* Willd.) Ayacucho [Universidad Nacional de San Cristóbal de Huamanga]. <http://repositorio.unsch.edu.pe/handle/UNSCH/2008>
- Allende Ciballero, M. (2017). Caracterización morfológica y molecular de accesiones de quinua (*Chenopodium Quinoa* Willd.) para estimar variabilidad genética. [Tesis para optar el grado de Magister Scientiae, Universidad Nacional Agraria La Molina]. <https://repositorio.lamolina.edu.pe/bitstream/handle/20.500.12996/2935/F30-A44-T.pdf?sequence=1&isAllowed=y>
- Emrani, N., Hasler, M., Patiranage, D. S. R., Nathaly, M. T., Rey, E., & Jung, C. (2020). An efficient method to produce segregating populations in quinoa (*Chenopodium quinoa*). *Plant Breeding*, 139(6), 1190–1200. <https://doi.org/10.1111/pbr.12873>
- Ministerio de Desarrollo Agrario y Riego (MIDAGRI). (2023). Pronóstico de producción de quinua al 2023. [https://repositorio.midagri.gob.pe/bitstream/20.500.13036/1460/1/Pronóstico de producción de quinua al 2023.pdf](https://repositorio.midagri.gob.pe/bitstream/20.500.13036/1460/1/Pronóstico%20de%20producci%C3%B3n%20de%20quinua%20al%202023.pdf).
- Mujica, A., & Jacobsen, S. (2006). La quinua (*Chenopodium quinoa* Willd.) y sus parientes silvestres. *Otánica Económica de Los Andes Centrales*, 449–457. [https://www.beisa.dk/Publications/BEISA Book pdfer/Capitulo 27.pdf](https://www.beisa.dk/Publications/BEISA%20Book%20pdf/Capitulo%2027.pdf)
- Peterson, A., Jacobsen, S. E., Bonifacio, A., & Murphy, K. (2015). A crossing method for Quinoa. *Sustainability (Switzerland)*, 7(3), 3230–3243. <https://doi.org/10.3390/su7033230>
- Pickersgill, B. (2007). Domestication of Plants in the Americas: Insights from Mendelian and Molecular Genetics. *Annals of Botany*, 100(5), 925–940. <https://doi.org/10.1093/aob/mcm193>
- Rojas, A. C. (2021). Caracterización fenotípica de 402 accesiones de Quinua (*Chenopodium quinoa* Willd.) en condiciones de La Molina – Lima. [Tesis para optar el título de Ingeniera Agrónoma, Universidad Nacional Agraria La Molina (UNALM)]. <https://hdl.handle.net/20.500.12996/4804>
- Vergara, R. de O., Martins, A. B., Soares, V. N., Carvalho, I. R., Barbosa, M. H., Conte, G. G., Gadotti, G. I., Ludke, R., & Villela, F. A. (2020). Agronomic and morphological characteristics of quinoa grown in the southern region of Rio Grande do Sul State. *Revista Brasileira de Engenharia e Sustentabilidade*, 8(1), 18. <https://doi.org/10.15210/rbes.v8i1.18315>
- Tabatabaei, I., Alseekh, S., Shahid, M., Leniak, E., Wagne, M., & Mahmoudi, H. (2022). The diversity of quinoa morphological traits and seed metabolic composition. *Sci Data*, 9(323), 2–7. <https://doi.org/10.1038/s41597-022-01399-y>
- Zhang, T., Gu, M., Liu, Y., Lv, Y., Zhou, L., Lu, H., Liang, S., Bao, H., & Zhao, H. (2017). Development of novel InDel markers and genetic diversity in *Chenopodium quinoa* through whole-genome re-sequencing. *BMC Genomics*, 18(1). <https://doi.org/10.1186/s12864-017-4093-8>